



NovaSeq X Series

Documentazione sui prodotti

PROPRIETÀ DI ILLUMINA

Documento n. 200027529 v10

Maggio 2026

Solo per uso di ricerca. Non usare in procedure diagnostiche.

Questo documento e il suo contenuto sono di proprietà di Illumina, Inc. e delle aziende a essa affiliate ("Illumina") e sono destinati esclusivamente all'uso contrattuale da parte dei clienti di Illumina, per quanto concerne l'utilizzo dei prodotti qui descritti, con esclusione di qualsiasi altro scopo. Questo documento e il suo contenuto non possono essere usati o distribuiti per altri scopi e/o in altro modo diffusi, resi pubblici o riprodotti, senza previa approvazione scritta da parte di Illumina. Mediante questo documento, Illumina non trasferisce a terzi alcuna licenza ai sensi dei suoi brevetti, marchi, copyright o diritti riconosciuti dal diritto consuetudinario, né diritti analoghi di terze parti.

Al fine di garantire un uso sicuro e corretto dei prodotti ivi descritti, le istruzioni riportate nel presente documento devono essere scrupolosamente ed esplicitamente seguite da personale qualificato e adeguatamente formato. Leggere e comprendere a fondo l'intero contenuto di questo documento prima di usare tali prodotti.

LA LETTURA INCOMPLETA DEL CONTENUTO DEL PRESENTE DOCUMENTO E IL MANCATO RISPETTO DI TUTTE LE ISTRUZIONI IVI CONTENUTE POSSONO CAUSARE DANNI AL/I PRODOTTO/I, LESIONI PERSONALI A UTENTI E TERZI NONCHÉ DANNI MATERIALI, E RENDERANNO NULLA QUALSIASI GARANZIA APPLICABILE AL/I PRODOTTO/I.

ILLUMINA DECLINA QUALSIASI RESPONSABILITÀ DERIVANTE DALL'USO IMPROPRIO DEL/DEI PRODOTTO/I IVI DESCRITTO/I (INCLUSE PARTI DI ESSI O SOFTWARE).

© 2026 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati.

Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, consultare la pagina web www.illumina.com/company/legal.html.

Sommario

Sicurezza e conformità	1
Considerazioni e segnalazioni di sicurezza	1
Conformità del prodotto e marchi di conformità alle normative	3
Descrizione generale del sistema	7
Descrizione generale del sequenziamento	7
Flusso di lavoro di sequenziamento	9
Componenti dello strumento	9
Software integrato	13
Preparazione della sede di installazione	20
Requisiti di laboratorio	21
Allestimento del laboratorio per le procedure di PCR	24
Requisiti elettrici	24
Gruppo di continuità (UPS)	28
Vincoli ambientali	29
Connessioni di rete	32
Sicurezza	34
Materiali di consumo e apparecchiature	35
Materiali di consumo per il sequenziamento	35
Apparecchiature e materiali di consumo forniti dall'utente	42
Configurazione del sistema	45
Account utente	46
Configurazione di Cloud Settings (Impostazioni cloud) e Illumina Proactive Support (Supporto proattivo)	50
Impostazioni di rete	51
Impostazione della posizione predefinita della cartella di output	53
Gestione delle applicazioni DRAGEN	55
Importazione dei file di risorse	56
Importazione di kit personalizzati di preparazione librerie e di adattatori indice	58
Personalizzazione delle impostazioni del sistema	59
Primer personalizzati	61
Preparazione e aggiunta di primer personalizzati	62
Protocollo	64

Pianificazione di una corsa di sequenziamento	64
Scongelamento dei materiali di consumo	68
Denaturazione e diluizione delle librerie	70
Caricare l'inserto Lyo e la striscia (a otto) provette della libreria	71
Avvio di una corsa di sequenziamento	72
Caricamento dei materiali di consumo	76
Verifiche pre-corsa	81
Monitoraggio del progresso della corsa	81
Avvio di corse scaglionate	83
Accesso e disconnessione	84
Riciclo dei materiali di consumo usati	84
Output del sequenziamento	90
Real-Time Analysis	90
File di output del sequenziamento	92
Struttura della cartella di output	92
Output dei dati e archiviazione	93
Report di analisi secondaria di NovaSeq X Series	94
Manutenzione	96
Come liberare spazio su disco rigido	96
Aggiornamenti del software	97
Installazione o disinstallazione delle versioni di DRAGEN	100
Sostituzione del filtro dell'aria	101
Manutenzione preventiva	102
Esecuzione di un lavaggio di manutenzione	102
Risoluzione dei problemi	109
Terminazione di una corsa	109
Rimettere in coda l'analisi secondaria	109
Riavvio trasferimento file	110
Spegnimento o riavvio dello strumento	111
Esecuzione delle verifiche del sistema	112
Esecuzione di un'autodiagnosi di DRAGEN	113
Installazione della licenza di DRAGEN	113
Revisione del registro di controllo	114
Esportazione dei registri	114
Risorse e Bibliografia	116
Sequenziamento con cicli "dark"	116

Impostazioni del foglio campioni in formato v2	117
Cronologia delle revisioni	118

Sicurezza e conformità

Questa sezione fornisce importanti informazioni di sicurezza relative all'installazione, alla manutenzione e al funzionamento del sistema di sequenziamento. Questa sezione comprende la conformità del prodotto e le dichiarazioni di conformità alle normative. Leggere questa sezione prima di eseguire qualsiasi procedura sul sistema.

Il Paese di origine e la data di fabbricazione del sistema sono stampati sull'etichetta dello strumento.

Considerazioni e segnalazioni di sicurezza

Questa sezione identifica potenziali pericoli associati all'installazione, alla manutenzione e al funzionamento dello strumento. Non usare o interagire con lo strumento in modo da esporre l'utente a questi tipi di pericoli.

Messaggi di avvertenza generali relativi alla sicurezza

Assicurarsi che tutto il personale sia formato sul corretto funzionamento dello strumento e su qualunque potenziale considerazione relativa alla sicurezza.



Quando si lavora in aree contrassegnate con questa etichetta, attenersi a tutte le istruzioni di funzionamento per ridurre al minimo i rischi per il personale o lo strumento.

Avvertenza di sicurezza meccanica



Parti mobili: lo strumento è dotato di parti mobili motorizzate che possono causare schiacciamenti o tagli. Tenersi a distanza quando i componenti si muovono.

Avvertenza sul refrigerante infiammabile

Il sistema di refrigerazione contenuto in questo strumento non è riparabile dall'utente. Qualsiasi intervento di assistenza deve essere operato da personale autorizzato dal produttore.



Assicurarsi che le aperture di ventilazione siano libere da ostruzioni.

Rischio di incendio o esplosione. Smaltire correttamente in conformità alle normative nazionali e locali. Refrigerante infiammabile utilizzato.

Questa apparecchiatura è destinata all'uso in ambienti commerciali, industriali o istituzionali come definito nello Standard di sicurezza per i sistemi di refrigerazione, ANSI/ASHRAE 15.



Gas estremamente infiammabile. Contiene gas sotto pressione; può esplodere se riscaldato. Tenere lontano da fonti di calore, scintille, fiamme libere e superfici calde. Non fumare.

Incendio da perdite di gas: non estinguere salvo nei casi in cui si possa procedere in sicurezza. Eliminare tutte le fonti di accensione se le condizioni permettono di procedere in sicurezza. Conservare in luogo ben ventilato.

Avvertenza di sicurezza per il laser



I NovaSeq X Series sono prodotti laser di Classe 1 che contengono due laser di Classe 4.

I laser di Classe 4 presentano un pericolo per gli occhi a causa dei riflessi dei fasci di luce diretti e diffusi. Evitare l'esposizione diretta o riflessa degli occhi e della cute alle radiazioni dei laser di Classe 4. I laser di Classe 4 possono causare la combustione di materiale infiammabile e provocare bruciature e lesioni serie alla cute causate dall'esposizione diretta.

Quando il vano della cella a flusso è aperto o l'interblocco della protezione del fascio è stato rimosso, gli interruttori di sicurezza bloccano il fascio laser.

Figura 1 Avvertenze per il laser di Classe 4

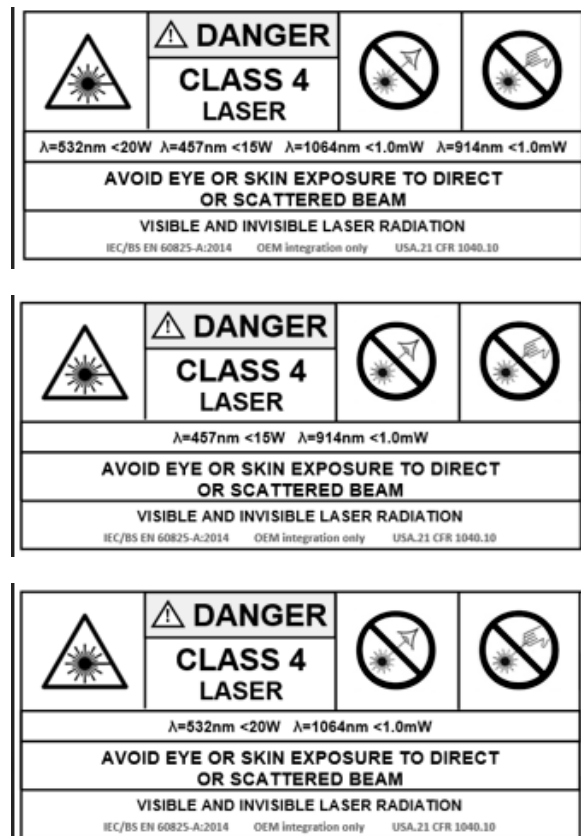
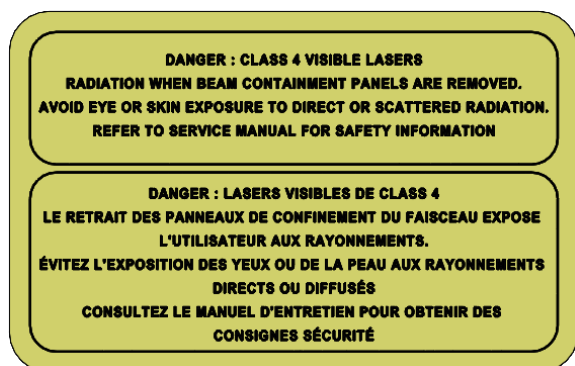


Figura 2 Etichetta di avvertenza laser del tecnico dell'assistenza sul campo (FSE) di Illumina



Messa a terra protettiva



Lo strumento è collegato alla messa a terra protettiva attraverso il telaio. La terra di protezione sul cavo di alimentazione riporta la messa a terra protettiva a un valore di riferimento sicuro. Quando si usa questo dispositivo, il collegamento alla messa a terra protettiva sul cavo di alimentazione deve essere in buono stato di funzionamento.

Avvertenza di sicurezza sulle superfici calde



Non utilizzare lo strumento se un qualsiasi pannello è rimosso.

Non toccare la stazione termica nello scomparto della cella a flusso. Il riscaldatore utilizzato in questa area è di solito controllato tra la temperatura ambiente (22 °C) e 60 °C. L'esposizione a temperature al limite superiore di questo intervallo può causare bruciature.

Avvertenza di sicurezza su oggetti pesanti



Lo strumento pesa circa 722 kg in condizioni di spedizione e circa 588 kg quando è installato; eventuali cadute o errata manipolazione possono causare lesioni gravi.

Non utilizzare lo strumento se un qualsiasi pannello è rimosso. Non toccare le parti mobili all'interno dello strumento.

Conformità del prodotto e marchi di conformità alle normative

Dichiarazione di conformità semplificata

Illumina, Inc. dichiara che NovaSeq X Series è conforme alle seguenti direttive:

- Direttiva sulla compatibilità elettromagnetica (EMC) [2014/30/UE]
- Direttiva bassa tensione [2014/35/UE]
- Direttiva sulle apparecchiature radio (RED) [2014/53/UE]

Illumina, Inc. dichiara che il Compute Server è conforme alle seguenti direttive:

- Direttiva RoHS [2011/65/UE] come modificata da UE 2015/863

Il testo completo della dichiarazione di conformità per l'Unione europea è disponibile al seguente indirizzo Web: support.illumina.com/certificates.html.

Restrizioni all'uso di sostanze pericolose (RoHS)



Questa etichetta indica che lo strumento è conforme alla direttiva Regolamento sui rifiuti di apparecchiature elettriche ed elettroniche (RAEE) per i rifiuti.

Visitare la pagina support.illumina.com/weee-recycling.html per ottenere linee guida sul riciclo dell'apparecchiatura.

Esposizione umana alle radiofrequenze

Questa apparecchiatura è conforme ai limiti di massima esposizione permessa (Maximum Permissible Exposure, MPE) per la popolazione generale in base alla norma 47 CFR paragrafo 1.1310 Tabella 1.

Questa apparecchiatura è conforme al limite di esposizione umana ai campi elettromagnetici (Electromagnetic Fields, EMF) per i dispositivi che operano nell'intervallo di frequenze da 0 Hz a 10 GHz, usati nell'identificazione a radiofrequenza (Radio Frequency Identification, RFID) in ambiente occupazionale o professionale (EN 50364:2010 sezione 4.0.).

Per informazioni sulla conformità alla tecnologia RFID, consultare *Guida alla conformità del modulo del lettore RFID (documento n. 1000000002699)*.

Considerazioni relative alla compatibilità EMC

Questa apparecchiatura è stata progettata e testata in base allo standard CISPR 11 Classe A. In un ambiente domestico, potrebbe causare interferenze radio. Nel caso si verificassero interferenze radio, potrebbe essere necessario mitigarle.

Non usare il dispositivo nei pressi di forti fonti di radiazioni elettromagnetiche, in quanto queste possono interferire con il corretto funzionamento.

Dichiarazioni normative e di conformità

Conformità FCC

Questo dispositivo è conforme alla Parte 15 delle normative FCC. Il suo utilizzo è soggetto alle due condizioni seguenti:

1. Questo dispositivo non deve causare interferenze dannose.

2. Questo dispositivo può subire interferenze, comprese interferenze che possono causare problemi di funzionamento.

 Alterazioni o modifiche apportate a questa unità non espressamente approvate dalla parte responsabile per la conformità possono determinare la revoca dell'autorizzazione all'uso dell'apparecchiatura da parte dell'utente.

 Questa apparecchiatura è stata collaudata ed è risultata conforme ai limiti per i dispositivi digitali di Classe A, ai sensi della Parte 15 delle normative FCC. Tali limiti sono stati concepiti per fornire una ragionevole protezione contro le interferenze dannose in caso di installazioni dell'apparecchiatura in ambiente commerciale.

Questa apparecchiatura genera, impiega e può irradiare onde radio e, se non installata e usata in base alle istruzioni del manuale dello strumento, può causare interferenze dannose alle comunicazioni radio. Il funzionamento di questa apparecchiatura in un'area residenziale può causare interferenze dannose. In questo caso gli utenti devono correggere l'interferenza a proprie spese.

Cavi FCC schermati

Questa unità richiede l'utilizzo di cavi schermati per assicurare la conformità ai limiti FCC di Classe A.

Conformità IC

Questo apparecchio digitale di Classe A è conforme ai requisiti previsti dalle norme canadesi relative alle apparecchiature che causano interferenze (Canadian Interference-Causing Equipment Regulations).

Questo dispositivo è conforme agli standard RSS esenti da licenza di Industry Canada (IC). Il suo utilizzo è soggetto alle due condizioni seguenti:

1. Questo dispositivo non deve causare interferenze.
2. Questo dispositivo può subire interferenze, comprese interferenze che possono causare problemi di funzionamento.

Conformità per la Corea

해당 무선 설비는 운용 중 전파 혼신 가능성이 있음.

A급 기기(업무용 방송통신기자재)

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

Conformità per la Thailandia

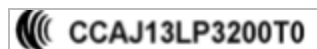
Questo dispositivo di telecomunicazione è conforme ai requisiti tecnici NTC/NBTC.

Conformità per la Nigeria

La connessione e l'uso di questa apparecchiatura di comunicazione sono permessi in base a quanto disposto dalla Nigerian Communications Commission.

Conformità NCC per Taiwan

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。

Conformità per il Giappone

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。

Descrizione generale del sistema

NovaSeq™ X Series include Sistemi di sequenziamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus. Questa sezione fornisce una panoramica dei sistemi, comprese le informazioni su hardware, software, analisi dei dati e gestione delle corse. Per specifiche dettagliate, schede tecniche, applicazioni e prodotti correlati, consultare la [pagina del sito di supporto di NovaSeq X Series](#).

Caratteristiche

- Elevata produttività e precisione
 - Fornisce informazioni genomiche significative su larga scala utilizzando il sequenziamento di nuova generazione (NGS) ad alta produttività.
 - Utilizza la chimica XLEAP-SBS, un aggiornamento della chimica SBS Illumina.
 - Consente un'analisi completa ed efficiente dei dati NGS utilizzando pipeline di analisi dei dati basate sulla Illumina DRAGEN Bio-IT Platform.
- Produttività
 - Consente configurazioni multiple di celle a flusso per abilitare da ~165 Gb a 16 Tb di dati di sequenziamento e fino a 104 miliardi di letture paired-end per corsa. L'output è regolabile per soddisfare le esigenze del flusso di lavoro di sequenziamento.
 - Fornisce flussi di lavoro integrati per l'analisi dei dati sullo strumento e nel cloud e la compressione dei dati senza perdita supportata dalla Illumina DRAGEN Bio-IT Platform.
- Sostenibilità
 - Le spedizioni possono essere effettuate a temperatura ambiente (senza pacchetti di ghiaccio o ghiaccio secco) utilizzando reagenti liofilizzati, che riducono il volume della cartuccia, il peso della confezione e la quantità di materiali di spedizione utilizzati.
 - Riduce la massa di plastica dello strumento fornendo plastiche riciclabili e cartucce tampone realizzate con biopolimeri vegetali.

Descrizione generale del sequenziamento

Le seguenti informazioni includono ulteriori dettagli sul flusso di lavoro di Sistemi di sequenziamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus.

Generazione di cluster

Durante la generazione di cluster, singole molecole di DNA si legano alla superficie della cella a flusso¹ e vengono contemporaneamente sottoposte ad amplificazione per formare cluster.

Sequenziamento

I cluster vengono sottoposti a imaging utilizzando la chimica a due canali, un canale verde e un canale blu, per codificare i dati per i quattro nucleotidi. Al termine dell'imaging di una tile sulla cella a flusso, la tile successiva viene sottoposta a imaging. Il processo è ripetuto per ogni ciclo di sequenziamento (circa cinque minuti per ciclo).

Analisi primaria

Dopo l'analisi delle immagini, il software Real-Time Analysis (RTA4) esegue l'identificazione delle basi², il filtraggio e il calcolo dei punteggi qualitativi. Man mano che la corsa procede, il Software di controllo NovaSeq X Series trasferisce automaticamente i file di identificazione delle basi³ (*.CBCL) alla posizione di output specificata per l'analisi dei dati. Per visualizzare le metriche di qualità generate da RTA4 in tempo reale, utilizzare il Software di controllo NovaSeq X Series, Sequencing Analysis Viewer (SAV) o BaseSpace Sequence Hub.

Al termine del sequenziamento viene avviata l'analisi secondaria. Il metodo di analisi secondaria dei dati dipende dall'applicazione e dalla configurazione del sistema.

Analisi secondaria

BaseSpace Sequence Hub e Illumina Connected Analytics (ICA) sono gli ambienti di calcolo sul cloud Illumina per l'analisi dei dati, l'archiviazione e il monitoraggio della corsa. Il monitoraggio della corsa è visibile solo in BaseSpace Sequence Hub. BaseSpace Sequence Hub ospita le app DRAGEN e BaseSpace Sequence Hub, che supportano i metodi di analisi comuni per il sequenziamento. Illumina Connected Analytics supporta DRAGEN per pipeline ICA. È possibile utilizzare le pipeline ICA predefinite o creare pipeline personalizzate utilizzando i dati di sequenziamento e analisi.

Se si analizzano i dati di sequenziamento nel cloud, i dati CBCL vengono caricati automaticamente nel cloud e sono disponibili in BaseSpace Sequence Hub e ICA. L'analisi inizia automaticamente al termine del caricamento dei dati.

Se si analizzano i dati a livello locale, l'analisi secondaria DRAGEN viene effettuata sullo strumento e i file di output vengono archiviati in una cartella di output selezionata.

¹Un vetrino con corsie fisicamente separate. Le corsie sono rivestite di oligonucleotidi complementari alle sequenze degli adattatori della libreria, consentendo alla libreria di aderire per una corsa di sequenziamento.

²Determina una base (A, C, G o T) per ogni cluster di una tile a un ciclo specifico.

³Contiene l'identificazione delle basi e il punteggio qualitativo associato per ciascun cluster di ciascun ciclo di sequenziamento.

- Per ulteriori informazioni su BaseSpace Sequence Hub, consultare la [pagina di supporto di BaseSpace Sequence Hub](#).
- Per ulteriori informazioni su Illumina DRAGEN Bio-IT Platform, consultare la [pagina di supporto di Illumina DRAGEN Bio-IT Platform](#) e le note di rilascio di DRAGEN su NovaSeq X Series disponibili nella [pagina di supporto di NovaSeq X Series](#).
- Per ulteriori informazioni su Illumina Connected Analytics, consultare la [pagina di supporto di Illumina Connected Analytics](#).
- Per una panoramica di tutte le app, consultare [BaseSpace Sequence Hub Apps](#).

Flusso di lavoro di sequenziamento

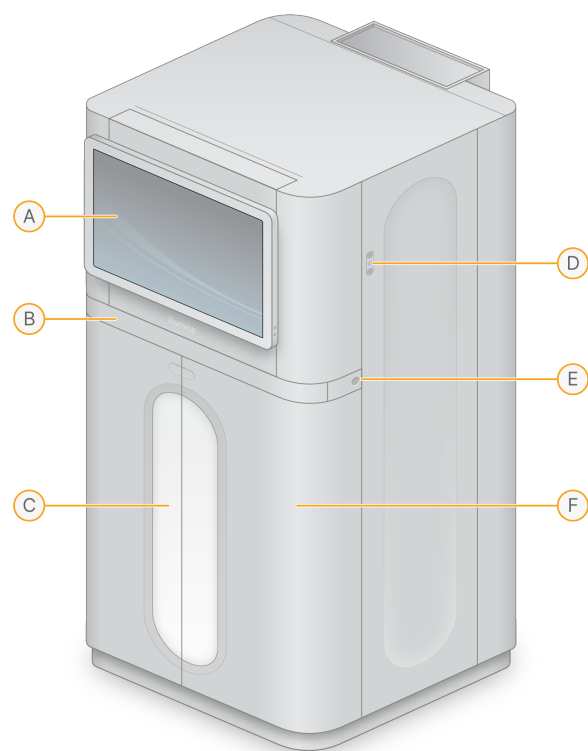
Il seguente diagramma illustra il protocollo di sequenziamento di NovaSeq X Series.



Componenti dello strumento

NovaSeq X Series comprende un monitor touch screen, una barra di stato, un interruttore di alimentazione con accanto porte USB e gli scomparti dei materiali di consumo.

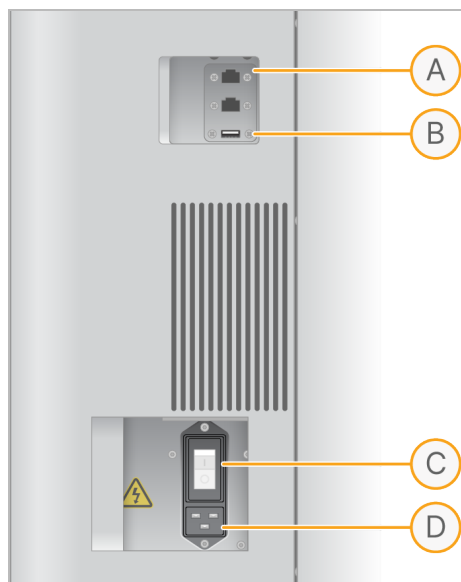
Componenti esterni



- A. **Monitor touch screen:** consente la configurazione e l'impostazione della corsa integrate nello strumento utilizzando l'interfaccia del Software di controllo NovaSeq X Series. Per regolare l'altezza del monitor touch screen, utilizzare i pulsanti sul lato del monitor.
- B. **Vassoio tastiera e trackpad:** vassoio estensibile per tastiera e trackpad. Spingere il vassoio per aprirlo.
- C. **Barra di stato:** la luce colorata avanza mentre il sistema esegue il flusso di lavoro. Il blu indica il caricamento dei materiali di consumo, il blu e il viola indicano i controlli pre-analisi e il multicolore indica il sequenziamento. Il rosso fisso indica errori critici. Il rosso e il bianco indicano altri errori.
- D. **Porte USB 2.0 (3):** forniscono l'accesso alle connessioni USB per i componenti periferici.
- E. **Pulsante di accensione:** controlla l'alimentazione dello strumento e indica se il sistema è acceso (luminoso), spento (scuro) oppure spento ma in alimentazione c.a. (lampeggiante).
- F. **Scomparto liquidi:** contiene le cartucce di reagenti e tamponi e i flaconi per i reagenti usati.

Connessioni di alimentazione e ausiliarie

Sul retro dello strumento sono presenti due porte Ethernet per una connessione Ethernet e l'interruttore e la presa che controlla l'alimentazione dello strumento. Utilizzare la porta USB 2.0 per collegare un UPS.



- A. **Porte Ethernet (2):** connessione del cavo Ethernet.
- B. **Porta USB 2.0:** connessione USB per l'UPS.
- C. **Pulsante di accensione/spegnimento:** accende e spegne lo strumento.
- D. **Presa di alimentazione:** connessione del cavo di alimentazione.

Scomparto della cella a flusso

Lo scomparto della cella a flusso contiene il piano portacelle, che sulla sinistra alloggia la cella a flusso A e sulla destra la cella a flusso B. Lo scomparto si trova dietro il monitor dello strumento. Quando si carica la cella a flusso, il software di controllo solleva automaticamente il monitor.

Un target di allineamento ottico montato sul piano portacelle esegue la diagnosi e corregge eventuali problemi ottici. Quando suggerito dal software di controllo, il target di allineamento ottico riallinea il sistema e regola la messa a fuoco della videocamera per migliorare i risultati del sequenziamento.

Il software di controllo controlla l'apertura e la chiusura dello sportello dello scomparto della cella a flusso. Lo sportello si apre automaticamente per caricare una cella a flusso.

⚠ | Lo strumento include punti di schiacciamento. Le parti in movimento possono causare schiacciamenti o tagli. Tenersi a distanza dallo sportello mentre si muove.

Dopo il caricamento, il software chiude lo sportello dello scomparto, sposta la cella a flusso in posizione e sigilla sotto vuoto e innesca i morsetti. I sensori verificano la presenza e la compatibilità della cella a flusso.

Scomparto dei liquidi

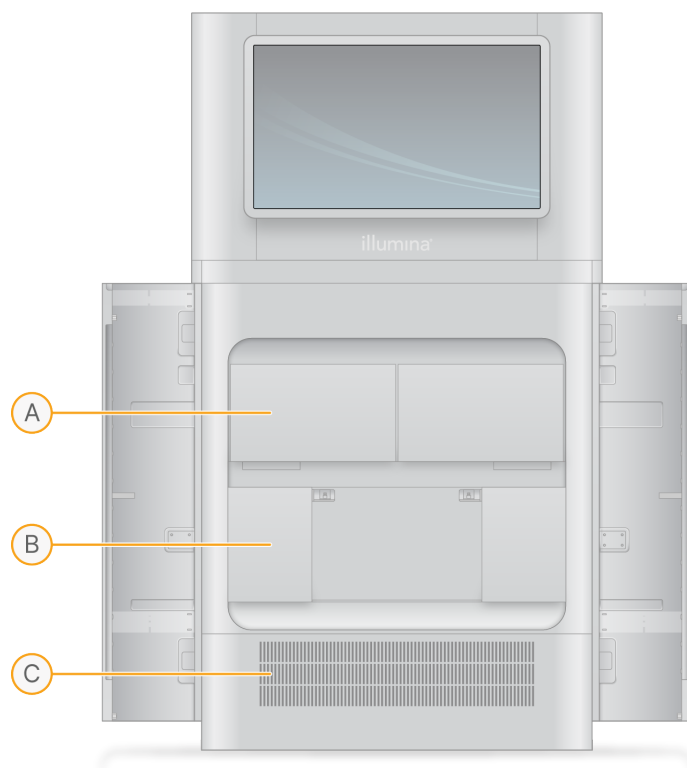
L'avvio di una corsa richiede l'accesso allo scomparto dei liquidi per caricare i reagenti e i tamponi e svuotare i flaconi di reagenti usati. I due sportelli racchiudono lo scomparto dei liquidi, che è diviso in due lati corrispondenti per il lato A e il lato B.

Il filtro dell'aria copre la ventola nel cassetto inferiore nella parte anteriore dello strumento. Tenere la parte anteriore dello strumento libera da ostruzioni e il pavimento pulito per evitare di ostruire il filtro dell'aria. Consultare [Preparazione della sede di installazione alla pagina 20](#) per ulteriori informazioni sul posizionamento.

I cassettei sono dotati di luci interne che segnalano quando rimuovere le cartucce e i flaconi usati. Le luci si spengono dopo la chiusura dei cassettei.

Gli sportelli dello strumento si sbloccano automaticamente quando si caricano materiali di consumo per il sequenziamento o il lavaggio durante la corsa o la configurazione del lavaggio di manutenzione.

Quando lo strumento non sta effettuando un sequenziamento, è possibile sbloccare manualmente gli sportelli dello strumento per cambiare il filtro dell'aria o per svuotare i reagenti di scarto al di fuori della configurazione della corsa. Per ulteriori informazioni, consultare [Sostituzione del filtro dell'aria alla pagina 101](#).



- A. **Cassetti dei reagenti:** contengono le cartucce dei reagenti e dei tamponi.
- B. **Cassetto dei reagenti usati:** contiene i flaconi grandi e piccoli di reagenti usati.
- C. **Scomparto del filtro dell'aria:** fornisce l'accesso per la sostituzione del filtro dell'aria.

Reagenti usati

Il sistema della fluidica è progettato per convogliare i reagenti della cartuccia di reagenti, potenzialmente pericolosi, al flacone piccolo dei reagenti usati. I reagenti dalla cartuccia di tamponi sono convogliati al flacone grande dei reagenti usati. Tuttavia, potrebbe verificarsi la contaminazione incrociata tra i flussi di reagenti. Per sicurezza, considerare entrambi i flaconi di reagenti usati come contenenti sostanze chimiche potenzialmente pericolose. Per informazioni dettagliate sulla chimica, consultare la scheda di sicurezza (SDS) all'indirizzo support.illumina.com/sds.html.

Software integrato

La suite software del sistema comprende applicazioni integrate che eseguono le corse di sequenziamento e l'analisi.

- **Software di controllo NovaSeq X Series:** controlla il funzionamento dello strumento e fornisce un'interfaccia per la configurazione del sistema, l'impostazione di una corsa di sequenziamento, il monitoraggio delle statistiche della corsa durante il sequenziamento e la visualizzazione dei dati DRAGEN. È possibile accedere al software di controllo integrato nello strumento o tramite un computer collegato a una rete locale.
- **Real-Time Analysis (RTA4):** esegue l'analisi delle immagini e l'identificazione delle basi durante la corsa. Consultare [Real-Time Analysis alla pagina 90](#) per ulteriori informazioni.
- **Universal Copy Service (UCS):** copia i file di output nella cartella di output per l'intera durata della corsa. Se pertinente, il servizio trasferisce i dati anche a BaseSpace Sequence Hub o Illumina Connected Analytics (ICA).
- **Illumina DRAGEN Bio-IT Platform:** esegue l'analisi secondaria con accelerazione hardware per un menu selezionato di applicazioni.

Il Software di controllo NovaSeq X Series è interattivo ed esegue processi in background automatizzati. RTA4 e UCS vengono eseguiti solo come processi in background.

Informazioni sul sistema

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare l'icona **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **About** (Informazioni su) per visualizzare i recapiti di Illumina e le seguenti informazioni di sistema:
 - Versione di Software di controllo NovaSeq X Series
 - Nome del computer
 - Versione dell'immagine del sistema operativo
 - Numero di serie dello strumento
 - Conteggio totale delle corse

Notifiche e indicazioni di allarme

Per visualizzare tutte le notifiche del sistema, procedere come segue.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Notifications** (Notifiche).

La schermata Notifications (Notifiche) contiene le seguenti schede:

- **Errors and warnings history** (Cronologia errori e avvertenze): mostra l'elenco degli errori e delle avvertenze passati.
- **Notifications** (Notifiche): mostra l'elenco delle notifiche in atto.

Quando si verifica un errore o viene emessa un'avvertenza, il Software di controllo NovaSeq X Series mostra un avviso durante l'azione.

- Gli errori critici del sistema richiedono attenzione immediata per spegnere lo strumento e contattare l'Assistenza Tecnica Illumina.
- Gli errori di sistema non critici richiedono un'azione prima di poter avviare o procedere con una corsa. A seconda dell'errore, il Software di controllo NovaSeq X Series fornisce l'azione appropriata per risolvere l'errore.
- I messaggi di avvertenza non richiedono un'azione prima di poter avviare o procedere con la corsa. Quando viene emesso un messaggio di avvertenza, il Software di controllo NovaSeq X Series fornisce l'azione appropriata per risolverlo.
- Le notifiche forniscono informazioni sugli eventi non correlati all'azione corrente. Il numero delle notifiche correnti viene visualizzato sull'icona Notifications (Notifiche) nel menu di navigazione globale. Ignorare le notifiche o risolverle nella scheda Notifications (Notifiche).

Riduzione a icona o uscita dal software di controllo

Ridurre a icona o uscire dal software di controllo per accedere ad altre applicazioni. Ad esempio, per accedere ad altre applicazioni nello strumento per eseguire operazioni al di fuori del software di controllo (ad esempio, individuare il foglio campioni in Esplora file).

1. Nel Software di controllo NovaSeq X Series, selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Minimize software** (Riduci a icona il software) per ridurre a icona il software di controllo o **Exit software** (Esci dal software) per chiudere il software di controllo.
Se si esce dal software di controllo, è necessario effettuare nuovamente l'accesso al momento della riapertura.
3. Per ingrandire o aprire il software di controllo, selezionare **Software di controllo NovaSeq X Series** dalla barra degli strumenti.

Utilizzo del Software di controllo NovaSeq X Series in remoto

Per accedere al Software di controllo NovaSeq X Series fuori dallo strumento, utilizzare un computer collegato alla rete locale utilizzata con il sistema di sequenziamento.

Accesso al Software di controllo NovaSeq X Series in remoto

Per accedere al software di controllo in modo sicuro da un browser, è necessario installare un certificato di autorità di certificazione (CA, Certificate Authority). A seconda della politica di sicurezza, l'organizzazione potrebbe richiedere ulteriori approvazioni di configurazione e sicurezza. Consultare il rappresentante IT prima di effettuare qualsiasi aggiornamento.

Per ulteriori informazioni, consultare la documentazione fornita dal produttore del sistema operativo.

Per configurare l'accesso remoto, sono necessarie le credenziali di amministratore per il sistema di sequenziamento e il computer.

1. Per visualizzare il nome host e l'indirizzo IP dello strumento, procedere come segue.
 - a. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
 - b. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Network settings** (Impostazioni di rete).
Vengono visualizzati il nome dell'host, l'indirizzo IP e le configurazioni di rete in uso.
2. Assicurarsi che le impostazioni del firewall siano abilitate.
Consultare le istruzioni del firewall in [Impostazioni di rete alla pagina 51](#).
3. Collaborare con il rappresentante IT per configurare il sistema di nomi di dominio (DNS, Domain Name System) e stabilire l'accesso remoto.
Consultare [Impostazioni di rete alla pagina 51](#) per ulteriori informazioni sulla configurazione del DNS.
4. Da un computer collegato alla rete locale, aprire un browser, quindi immettere `https://<nome dell'host dello strumento>`.
In caso di problemi, contattare l'Assistenza Tecnica di Illumina per risolvere il nome dell'host.
5. Selezionare **Download certificate** (Scarica certificato).
Dopo aver scaricato il certificato, l'installazione del certificato della CA radice varia a seconda del sistema operativo del computer.
6. Per Windows, fare doppio clic sul certificato scaricato e seguire le istruzioni di installazione.
Assicurarsi di selezionare le seguenti configurazioni:
 - Posizione di archiviazione: **Local Machine** (Macchina locale)
 - Posizione di archiviazione del certificato: **Collocare tutti i certificati nella seguente posizione di archiviazione**
 - Posizione: **Archivio Trusted Root Certification Authorities** (Autorità di certificazione fonti attendibili)
7. Per il Mac, eseguire il seguente comando:

```
sudo security add-trusted-cert -d -r trustRoot -k  
/Library/Keychains/System.keychain
```

```
<percorso completo del certificato della CA radice>
```

8. Per Linux, esistono più versioni distribuite e ciascuna versione potrebbe prevedere una modalità di installazione del certificato della CA radice diversa. Per le versioni di Red Hat Enterprise Linux (RHEL), attenersi alla seguente procedura:
 - a. copiare il certificato scaricato nella posizione di archiviazione del certificato: `/etc/pki/ca-trust/source/anchors`.
 - b. Per confermare l'attendibilità del certificato della CA radice, eseguire il seguente comando:


```
sudo update-ca-trust extract
```
9. Dopo aver installato il certificato della CA radice, aprire un browser, quindi immettere `https://<nome host dello strumento>`.
In alternativa, è possibile immettere il nome di dominio interamente qualificato (FQDN).
10. Confermare che sulla sinistra della barra dell'indirizzo sia presente un'icona di sicurezza per indicare una connessione sicura.
11. Contrassegnare la pagina con un segnalibro per agevolare l'accesso in futuro.

Uso del Software di controllo NovaSeq X Series in remoto

Dopo aver effettuato l'accesso al Software di controllo NovaSeq X Series da un computer connesso alla rete locale, la schermata **Runs (Corse)** si apre automaticamente.

Per accedere alle funzioni aggiuntive, aprire il menu a discesa nell'angolo in alto a sinistra. È possibile tornare alla schermata **Runs (Corse)** selezionando **Close** (Chiudi) da qualsiasi schermata.

Sono disponibili le seguenti funzioni. Consultare [Autorizzazioni utente alla pagina 46](#) per informazioni sulle autorizzazioni disponibili per ciascun gruppo di utenti.

- **Runs (Corse)** – consente di eseguire una delle seguenti azioni:
 - Pianificare nuove corse di sequenziamento. Per ulteriori informazioni, consultare [Creazione di una corsa pianificata alla pagina 65](#).
 - Monitorare l'avanzamento della corsa in svolgimento. Per ulteriori informazioni, consultare [Monitoraggio del progresso della corsa alla pagina 81](#).
 - Modificare ed eliminare le corse pianificate a livello locale. Per ulteriori informazioni, consultare [Gestione delle corse alla pagina 17](#).
- **Users (Utenti)**: consente di aggiungere e gestire utenti. Per ulteriori informazioni, consultare [Account utente alla pagina 46](#).
- **Password policy** (Criteri delle password): consente di visualizzare e di modificare le impostazioni della password. Per ulteriori informazioni, consultare [Modifica delle impostazioni delle password alla pagina 49](#).
- **Applications** (Applicazioni): consente di visualizzare e di gestire le applicazioni DRAGEN. Per ulteriori informazioni, consultare [Gestione delle applicazioni DRAGEN alla pagina 55](#).

- **Resources** (Risorse): consente di importare e di gestire genomi e file di riferimento. Per ulteriori informazioni, consultare [Importazione dei file di risorse alla pagina 56](#).
- **DRAGEN**: aggiornare la licenza di DRAGEN ed eseguire un'autodiagnosi di DRAGEN. Per ulteriori informazioni, consultare [Installazione della licenza di DRAGEN alla pagina 113](#) e [Esecuzione di un'autodiagnosi di DRAGEN alla pagina 113](#).
- **Custom kits** (Kit personalizzati): consente di aggiungere e di gestire i kit personalizzati di adattatori indice e di preparazione librerie. Per ulteriori informazioni, consultare [Importazione di kit personalizzati di preparazione librerie e di adattatori indice alla pagina 58](#).
- **Audit log** (Registro di controllo): consente di effettuare la revisione del registro di controllo. Per ulteriori informazioni, consultare [Revisione del registro di controllo alla pagina 114](#).
- **Cloud Settings** (Impostazioni cloud): consente di configurare le impostazioni cloud. Per ulteriori informazioni, consultare [Configurazione di Cloud Settings \(Impostazioni cloud\) e Illumina Proactive Support \(Supporto proattivo\) alla pagina 50](#).
- **External Storage** (Archiviazione esterna): consente di configurare le opzioni di archiviazione esterna. Per ulteriori informazioni, consultare [Impostazione della posizione predefinita della cartella di output alla pagina 53](#).
- **About** (Informazioni): consente di visualizzare i recapiti di Illumina e le informazioni sul sistema. Consultare [Informazioni sul sistema alla pagina 13](#).

Gestione delle corse

La schermata Runs (Corse) consente di visualizzare l'elenco di corse pianificate, corse attive e corse completate. Ogni corsa è identificata dal nome della corsa. Per cercare una corsa, utilizzare il nome della corsa, l'ID della striscia (a otto) provette della libreria e la prima applicazione DRAGEN aggiunta alla corsa. È inoltre possibile visualizzare lo spazio di archiviazione dati dello strumento occupato da tutte le corse e lo spazio di archiviazione ancora disponibile. Consultare [Come liberare spazio su disco rigido alla pagina 96](#) per informazioni sull'eliminazione delle corse.

Nel software di controllo remoto, è possibile esportare il foglio campioni di una corsa. Selezionare il nome della corsa, quindi selezionare **Sample Sheet** (Foglio campioni). Selezionare **Save as** (Salva con nome) per salvare il foglio campioni.

Corse pianificate

La scheda Planned (Pianificato) visualizza le corse pianificate a livello locale o nel cloud. È possibile pianificare le corse a livello locale sullo strumento NovaSeq X Series o su un computer in rete. Per pianificare le corse nel cloud, utilizzare BaseSpace Sequence Hub.

È possibile modificare o eliminare le corse pianificate a livello locale nella scheda Planned (Pianificato). Per modificare una corsa pianificata, selezionare la corsa nella scheda Planned (Pianificato). Per eliminare una corsa pianificata, selezionare l'icona del cestino nella colonna Actions (Azioni).

La scheda Planned (Pianificato) mostra le seguenti informazioni:

- **Status** (Stato): stato della corsa di sequenziamento. Le corse pianificate possono trovarsi in uno dei seguenti stati:
 - **Planned** (Pianificato): la corsa non può essere selezionata per il sequenziamento.
 - **Draft** (Bozza): la corsa non può essere selezionata per il sequenziamento.
 - **Needs attention** (Richiede attenzione): la corsa non è disponibile a causa di un errore (ad es., la connessione al cloud è stata interrotta). È possibile esaminare l'errore nella schermata Run details (Dettagli corsa).
- **Run name** (Nome corsa): il nome della corsa.
- **Application** (Applicazione): applicazioni di analisi secondaria DRAGEN associate alla corsa. Per ulteriori informazioni sull'installazione delle applicazioni, consultare [Gestione delle applicazioni DRAGEN alla pagina 55](#).
- **Last modified** (Ultima modifica): data e ora dell'ultima modifica della corsa.

Corse attive

La scheda Active (Attivo) visualizza tutte le corse in esecuzione, comprese le corse pianificate e le corse create manualmente. La scheda Active (Attivo) include la data di inizio del sequenziamento, il lato dello strumento, lo stato del sequenziamento e la % $\geq$ Q30, la resa e le letture totali delle metriche PF.

Nella scheda Active (Attivo), è possibile annullare il caricamento dei dati nella posizione di archiviazione o annullare l'analisi secondaria. Per ulteriori informazioni, consultare [Terminazione di una corsa alla pagina 109](#). L'annullamento di una corsa durante il sequenziamento non è disponibile nella scheda Active (Attivo).

Selezionare il nome della corsa per passare alla pagina Run details (Dettagli corsa) e visualizzare ulteriori dettagli sulla corsa. Selezionare il menu a discesa accanto alla corsa per visualizzare ulteriori dettagli sullo stato del sequenziamento e sulle applicazioni DRAGEN associate.

Per ulteriori informazioni sulle metriche della corsa e sullo stato della corsa, consultare [Monitoraggio del progresso della corsa alla pagina 81](#).

Corse completate

La scheda Completed (Completato) consente di visualizzare le corse che hanno completato il sequenziamento e l'analisi, che sono state annullate o per le quali non è stato possibile completare il sequenziamento o l'analisi. È possibile visualizzare la posizione dei dati di output di sequenziamento e analisi, le metriche di sequenziamento e lo spazio di archiviazione dei dati dello strumento occupato dalla corsa. È possibile visualizzare le applicazioni DRAGEN associate alla corsa, la % $\geq$ Q30, la resa, il PF delle letture totali e lo spazio su disco occupato dalla corsa sullo strumento. Quando i dati di sequenziamento vengono eliminati o trasferiti dallo strumento, la metrica dello spazio mostra 0 GB.

Per visualizzare ulteriori risultati della corsa, come il sequenziamento dettagliato e le metriche di analisi secondaria, selezionare la corsa.

Per eliminare una corsa, selezionare l'icona dei puntini di sospensione nella colonna Action (Azione). È possibile eliminare la corsa o solo i dati della corsa. L'eliminazione dei dati della corsa rimuove le cartelle di sequenziamento e analisi generate dalla corsa, ma conserva i dettagli di base della corsa e non rimuove la corsa dalla scheda Completed (Completato). L'eliminazione della corsa la rimuove completamente.

Preparazione della sede di installazione

Questa sezione fornisce le specifiche e le linee guida per la preparazione della sede per l'installazione e il funzionamento di Sistemi di sequenziamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus.

Consegna e installazione

Un rappresentante Illumina consegna il sistema, disimballa i componenti e posiziona lo strumento. Assicurarsi che lo spazio nel laboratorio sia pronto prima della consegna.

Lo strumento imballato richiede almeno 160 cm di spazio libero per porte e ascensori. Lo strumento non imballato richiede almeno 89 cm di spazio libero per porte e ascensori. Se lo spazio libero di porte o ascensori è inferiore allo spazio richiesto, contattare il rappresentante Illumina.

I rischi di carico sul pavimento legati all'installazione dello strumento devono essere valutati e affrontati dal personale della struttura dell'edificio.

 | Lo strumento può essere disimballato, installato o spostato unicamente da personale Illumina debitamente autorizzato. Una manipolazione non appropriata dello strumento può incidere sull'allineamento o danneggiarne i componenti.

Un rappresentante Illumina installerà e preparerà lo strumento. Quando si collega lo strumento a un sistema di gestione dei dati o a una posizione di rete remota, il percorso per l'archiviazione dei dati deve essere selezionato prima della data dell'installazione. Il rappresentante Illumina può testare il processo del trasferimento dati durante l'installazione.

 | *Non* spostare lo strumento dopo l'installazione e la preparazione dello strumento da parte del rappresentante Illumina. Uno spostamento dello strumento non eseguito nel modo appropriato può incidere sull'allineamento ottico e compromettere l'integrità dei dati. Se è necessario riposizionare lo strumento, rivolgersi al rappresentante Illumina.

Se si conservano i contenitori di spedizione da riutilizzare per il trasferimento o la restituzione dello strumento, contattare il rappresentante Illumina di zona per confermare che abbiano le etichette appropriate per la spedizione.

Dimensioni e contenuto dei contenitori di spedizione

Il sistema di sequenziamento e i componenti vengono spediti in due contenitori di spedizione. Utilizzare le dimensioni riportate di seguito per determinare la larghezza minima richiesta della porta per fare entrare i contenitori di spedizione.

 | Per il Contenitore n. 1, i punti di accesso per i carrelli elevatori si trovano sul lato della profondità del contenitore. Accertarsi di verificare lo spazio libero di porte e ascensori quando si trasporta lo strumento nel contenitore.

Tabella 1 Dimensioni del contenitore di spedizione

Misura	Contenitore di spedizione n. 1	Contenitore di spedizione n. 2
Altezza	175,90 cm	121,92 cm
Larghezza	109,22 cm	91,44 cm
Profondità	154,76 cm	101,6 cm
Peso	722 kg	238 kg

I seguenti contenuti sono inclusi in ciascun contenitore.

Il Contenitore n. 1 contiene lo strumento.

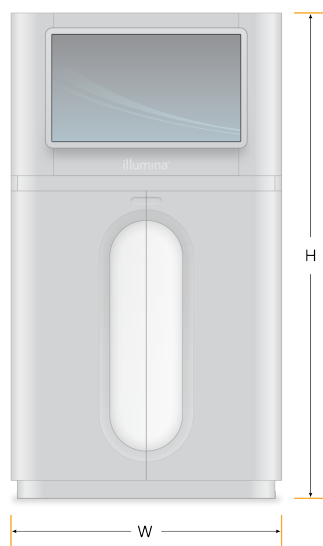
Il Contenitore n. 2 contiene cinque scatole con il seguente contenuto.

- Scatola: gruppo di continuità (UPS), peso 46 kg
- Scatola: alloggiamento degli accessori del kit, peso 12 kg
- Scatola: accessori di alimentazione e display, peso 13 kg:
 - Monitor
 - Portacavi del monitor
 - Cavo Ethernet
 - Cavo di alimentazione specifico per la regione
 - Tastiera
- Scatola: accessori, peso 10 kg:
 - Adattatore camino
 - Ricambi del filtro dell'aria (4)
 - Gruppo kit tubi
 - Cartuccia di reagente di lavaggio
 - Cella a flusso per il lavaggio
 - Refrigeranti (3)
 - Tappi di smaltimento (4)
 - Adattatore per striscia (a otto) provette della libreria (2)
 - Tubi per reagenti usati esterni
 - Fettuccia di sollevamento
 - Moschettone

Requisiti di laboratorio

Utilizzare le specifiche e i requisiti forniti in questa sezione per allestire lo spazio del laboratorio.

Dimensioni dello strumento



Misura	Dimensioni dello strumento
Altezza	158,8 cm
Larghezza	86,4 cm
Profondità	93,3 cm
Peso	588 kg*

* Peso totale dello strumento dopo l'installazione, inclusi UPS e materiali di consumo.

Requisiti di posizionamento

Posizionare lo strumento in modo da consentire una ventilazione adeguata, l'accesso per la sua manutenzione e l'accesso all'interruttore di alimentazione, alla presa di corrente e al cavo di alimentazione.

- Posizionare lo strumento in modo che il personale possa raggiungere il lato destro dello strumento per accendere o spegnere l'interruttore di alimentazione. Questo interruttore si trova sul pannello posteriore, accanto al cavo di alimentazione.
- Posizionare lo strumento in modo da poter staccare rapidamente il cavo di alimentazione dalla presa.
- Assicurarsi che lo strumento sia accessibile da tutti i lati utilizzando le seguenti dimensioni minime di spazio libero.
- Tenere la parte anteriore dello strumento libera da ostruzioni e il pavimento pulito per evitare di ostruire il filtro dell'aria.

- Posizionare l'UPS su uno dei lati dello strumento. L'UPS può essere collocato entro la distanza minima dai lati dello strumento.

Accesso	Spazio libero minimo
Lato anteriore	Lasciare almeno 152,4 cm davanti allo strumento per l'apertura delle porte frontali e per garantire l'accesso generale al laboratorio e il movimento del personale all'interno del laboratorio.
Lati	Lasciare almeno 70 cm a ciascun lato dello strumento per consentire l'accesso e lo spazio libero intorno allo strumento. Gli strumenti affiancati richiedono solo 70 cm in totale tra di essi.
Lato posteriore	Lasciare almeno 30,5 cm dietro allo strumento posizionato vicino a una parete, per consentire la ventilazione e l'accesso. Lasciare almeno 61 cm tra due strumenti posizionati retro contro retro.
Lato superiore	Assicurarsi che sopra lo strumento non ci siano scaffali e altri ostacoli. Lasciare almeno 80 cm di spazio libero sopra lo strumento.

-  | Un posizionamento errato può ridurre la ventilazione. Una ventilazione ridotta aumenta la produzione di calore e di rumore, compromettendo l'integrità dei dati e la sicurezza del personale.

Linee guida relative alle vibrazioni

Mantenere il livello di vibrazioni del pavimento del laboratorio a una VC-A standard di 50 $\mu\text{m/s}$ per frequenze in banda a $\frac{1}{3}$ di ottava tra 8 Hz e 80 Hz, o inferiore. Questo è il livello tipico per i laboratori. Non superare lo standard ISO per le sale operatorie (linea di base) di 100 $\mu\text{m/s}$ per frequenze in banda a $\frac{1}{3}$ di ottava tra 8 Hz e 80 Hz.

Durante le corse di sequenziamento, utilizzare le seguenti pratiche migliori per ridurre al minimo le vibrazioni e assicurare prestazioni ottimali.

- Posizionare lo strumento su un pavimento duro e piano e mantenere lo spazio libero privo di ostruzioni.
- Non posizionare tastiere, materiali di consumo usati o altri oggetti sopra lo strumento.
- Non installare lo strumento vicino a fonti di vibrazioni che superano lo standard ISO per le sale operatorie. Ad esempio:
 - motori, pompe, congelatori, centrifughe, agitatori di prova, dispositivi di prova a caduta e forti flussi d'aria nel laboratorio;
 - piani direttamente sopra o sotto ventole HVAC e controller, ed eliporti;
 - lavori di costruzione o ristrutturazione sullo stesso piano dello strumento;
 - aree ad alto traffico pedonale.

- Mantenere le fonti di vibrazioni, come oggetti fatti cadere e movimenti di strumentazione pesante, ad almeno 100 cm dallo strumento.
- Utilizzare solo touch screen, tastiera e trackpad per interagire con lo strumento. Non urtare direttamente le superfici dello strumento durante il funzionamento.

Allestimento del laboratorio per le procedure di PCR

Alcuni metodi di preparazione delle librerie richiedono il processo di reazione a catena della polimerasi (Polymerase Chain Reaction, PCR).

Per impedire la contaminazione da PCR, è necessario creare spazi e procedure di laboratorio dedicati prima di iniziare a lavorare nel laboratorio. I prodotti della PCR possono contaminare i reagenti, gli strumenti e i campioni, ritardando il normale funzionamento e fornendo risultati inaccurati.

Aree di pre-PCR e post-PCR

Utilizzare le seguenti linee guida per evitare la contaminazione incrociata.

- Creare un'area pre-PCR per i processi di pre-PCR.
- Creare un'area post-PCR per elaborare i prodotti per la PCR.
- Non utilizzare lo stesso lavandino per lavare i materiali di pre-PCR e post-PCR.
- Non utilizzare lo stesso sistema di purificazione dell'acqua per i processi di pre-PCR e post-PCR.
- Conservare i prodotti usati per i protocolli pre-PCR nell'area pre-PCR. Trasferirli nell'area post-PCR in base alle necessità.

Apparecchiature e materiali dedicati

- Non utilizzare le stesse apparecchiature e gli stessi materiali per i processi di pre-PCR e post-PCR. Dedicare un set di apparecchiature e materiali separati in ciascuna area.
- Creare spazi di conservazione dedicati per i materiali di consumo utilizzati in ciascuna area. Per i requisiti relativi a temperatura di conservazione e dimensioni dei materiali di consumo, consultare [Materiali di consumo per il sequenziamento alla pagina 35](#).

Requisiti elettrici

Non rimuovere i pannelli esterni dallo strumento. L'interno non contiene componenti che possono essere sottoposti a manutenzione da parte dell'utente.

 Il funzionamento dello strumento con un qualsiasi pannello rimosso crea esposizione potenziale a tensioni di rete e tensioni c.c.

Tabella 2 Specifiche di alimentazione

Tipo	Specifiche
Tensione di rete	200-240 V c.a. a 50/60 Hz
Picco potenza assorbita	2.700 Watt

Prese di alimentazione

La struttura deve essere dotata di un impianto elettrico cablato con una linea con messa a terra da almeno 15 ampere e con la tensione appropriata. I requisiti possono variare a seconda della regione. Consultare [Cavi di alimentazione alla pagina 25](#) per i requisiti di alimentazione specifici del Paese. È richiesta una messa a terra. Se si riscontrano fluttuazioni di tensione superiori al 10%, è necessario installare un regolatore di tensione.

Lo strumento deve essere collegato a un circuito dedicato che non deve essere condiviso con altre apparecchiature.

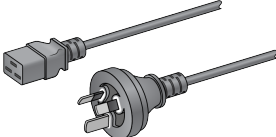
Cavi di alimentazione

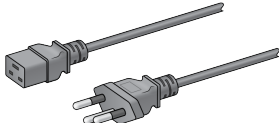
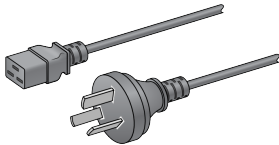
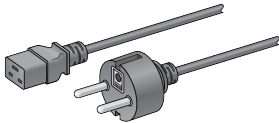
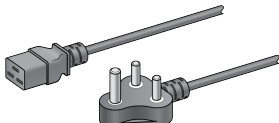
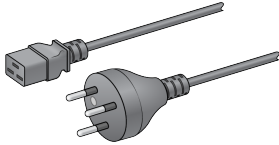
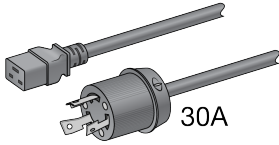
Lo strumento è dotato di un connettore con standard internazionale IEC 60320 C20 ed è fornito con un cavo di alimentazione specifico per il Paese. Per acquistare prese o cavi di alimentazione equivalenti conformi alle normative locali, rivolgersi a un fornitore terzo come Interpower Corporation (www.interpower.com). Tutti i cavi di alimentazione sono lunghi 2,5 m.

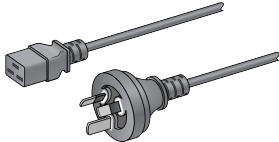
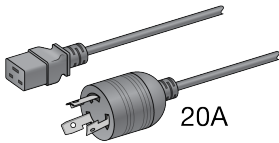
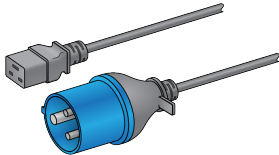
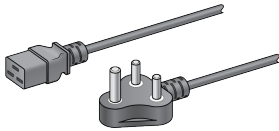
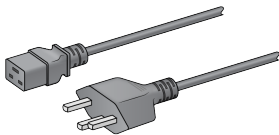
I livelli di tensione pericolosi vengono eliminati dallo strumento solo quando il cavo di alimentazione è scollegato dalla fonte di alimentazione CA.

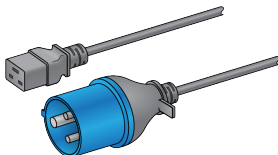
 Non utilizzare mai una prolunga per collegare lo strumento alla presa di alimentazione.

Tabella 3 Requisiti dei cavi di alimentazione delle regioni selezionate

Area geografica	Cavo di alimentazione spedito	Alimentazione elettrica	Presa
Australia	SAA AS 3112 da maschio a C19, 15 amp 	Tensione di rete: 230 V c.a. Amperaggio minimo: 15 amp	15 Amp Tipo I

Area geografica	Cavo di alimentazione spedito	Alimentazione elettrica	Presse
Brasile	Spina NBR14136 a C19, 16 amp 	Tensione di rete: 220 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	NBR 14136 Tipo N
Cina	GB2099 a C19, 16 amp 	Tensione di rete: 220 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	GB 1002, GB 2099, Tipo I
Unione europea*	Schuko CEE 7 (EU1-16p) a C19, 16 amp 	Tensione di rete: 220-240 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	Schuko CEE 7/3
India	IS1293 a C19, 16 amp 	Tensione di rete: 230 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	BS546A Tipo M
Israele	IEC 60320 C19, 16 amp 	Tensione di rete: 230 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	SI 32 16 Amp Tipo H
Giappone	NEMA L6-30P, 30 amp 	Tensione di rete: 200 V c.a. Amperaggio minimo: 30 amp	NEMA L6-30R

Area geografica	Cavo di alimentazione spedito	Alimentazione elettrica	Presa
Nuova Zelanda	SAA AS 3112 da maschio a C19, 15 amp 	Tensione di rete: 230 V c.a. Amperaggio minimo: 15 amp	15 Amp Dedicata Tipo I
Nord America	NEMA L6-20P a C19, 20 amp 	Tensione di rete: <220 V c.a. Amperaggio minimo: 20 amp Tensione di rete: ≥220 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	NEMA L6-20R
Singapore	IEC60309 316P6 a C19, 16 amp 	Tensione di rete: 230-250 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	IEC60309 316C6
Sud Africa	SANS 164-1 a C19, 16 amp 	Tensione di rete: 230 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	BS546A Tipo M
Svizzera	SEV 1011 Spina J Tipo 23, 16 amp 	Tensione di rete: 230 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	SEV 1011 Presa J Tipo 23

Area geografica	Cavo di alimentazione spedito	Alimentazione elettrica	Presca
Regno Unito	IEC60309 316P6 a C19, 16 amp 	Tensione di rete: 240 V c.a. Amperaggio minimo: 16 amp	IEC60309 316C6

* Ad eccezione della Svizzera e del Regno Unito.

i | In alternativa, tutte le regioni possono usare IEC 60309.

Gruppo di continuità (UPS)

Le seguenti specifiche si riferiscono all'UPS mondiale fornito con lo strumento.

Per i Paesi che richiedono un modello diverso di UPS e di batteria e per le alternative, consultare [Gruppo di continuità specifico per ogni Paese alla pagina 29](#).

- **UPS**—APC Smart-UPS SRT 3000 VA RM 208/230 V IEC, Modello n. SRT3000RMXLW-IEC

Specifiche	UPS
Potenza massima in uscita	2.700 Watt*/3.000 VA
Tensione in ingresso	208 V, 230 V
Frequenza di ingresso	40-70 Hz
Connessione in ingresso	British BS1363A IEC 60320 C20 Schuko CEE 7/EU1-16P
Durata tipica della corsa (potenza media di 2.200 Watt)	5 minuti 44 secondi
Durata tipica della corsa (potenza di picco di 2.700 Watt)	3 minuti 58 secondi
Calore emesso	703 BTU/h
Peso	31,3 kg (69 lb)
Dimensioni (Formato torre: A × L × P)	43,2 cm × 63,5 cm × 8,5 cm (17 in × 25 in × 3.4 in)

* L'UPS richiede un massimo di 168 Watt per caricare le batterie ed eseguire altre funzioni interne. In questo periodo sono disponibili 2.700 Watt per la produzione.

Gruppo di continuità specifico per ogni Paese

Illumina fornisce i seguenti UPS specifici per ogni Paese.

Paese	Modello UPS n.
India	Modello UPS n.: SUA3000UXI Modello batteria n.: SUA48XLBP UPS alternativo con n. di modello della batteria: SUA3000I-IND
Giappone	SRT5KXLJ
Tutti gli altri Paesi	SMX3000RMHV2U

Per ulteriori informazioni sulle specifiche, consultare il sito web di APC (www.apc.com).

i | Le opzioni esatte di UPS e batterie sono soggette a disponibilità e possono cambiare senza preavviso.

Con l'UPS, Illumina spedisce in tutti i Paesi, ad eccezione del Giappone, un cavo di alimentazione da 16 A, 250 V c.a. Questo cavo di alimentazione collega l'UPS e lo strumento. Per il Giappone, Illumina spedisce un cavo di alimentazione da 30 A, con tensione nominale di 250 V c.a. In Giappone la tensione in ingresso è inferiore e la capacità complessiva dell'UPS è maggiore, il che determina una corrente nominale maggiore e la necessità di un cavo di sezione maggiore. Il valore nominale del cavo di alimentazione è stampato sul connettore del cavo.

Vincoli ambientali

Tabella 4 Specifiche ambientali dello strumento

Elemento	Specifiche
Temperatura*	Mantenere una temperatura di laboratorio compresa tra 15 °C e 25 °C. Durante una corsa, impedire che la temperatura ambiente subisca uno sbalzo superiore a ± 2 °C. Se lo strumento non viene fatto funzionare entro questo intervallo di temperatura, si potrebbe verificare una diminuzione delle prestazioni o una mancata riuscita della corsa.
Umidità*	Mantenere l'umidità relativa, senza condensa, nell'intervallo 20-65%.
Altitudine	Installare lo strumento a un'altitudine inferiore a 2.000 metri.
Qualità dell'aria	Usare lo strumento in un ambiente al chiuso, con livelli di pulizia dalle particelle aerodisperse conformi alla norma ISO 9 (aria ambiente ordinaria) o superiori. Mantenere lo strumento lontano da fonti di polvere.

Elemento	Specifiche
Vibrazioni	Limitare le vibrazioni continue del pavimento del laboratorio al livello ISO di riferimento per le sale operatorie o superiore. Durante una corsa di sequenziamento, limitare le interferenze o gli urti intermittenti sul pavimento nei pressi dello strumento. Non superare il livello ISO di riferimento.
Scarico dei gas di laboratorio	La ventilazione deve essere appropriata per la manipolazione dei materiali pericolosi contenuti nei reagenti e conforme alle leggi e alle normative pertinenti a livello regionale, nazionale e locale. Per ulteriori informazioni su ambiente, salute e sicurezza, consultare le schede dati di sicurezza (Safety Data Sheet, SDS) alla pagina web support.illumina.com/sds.html .

* Evitare una combinazione di temperatura elevata e umidità elevata. Ad esempio, 25 °C e 65% di umidità relativa.

Tabella 5 Emissioni acustiche

Emissioni acustiche	Distanza dallo strumento
<75 dB	1 m

Tabella 6 Dissipazione termica

Consumo energetico	Calore emesso
Massimo: 2.700 Watt	Massimo: 9.200 BTU/h*
Media: 2.200 Watt	Media: 7.507 BTU/h

*Esclude l'uscita termica dall'UPS.

Sfiato

Un camino verticale rotondo da 25,4 cm espelle l'80% del calore prodotto dallo strumento. È possibile sfiatare nella stanza o collegare il camino a un condotto fornito dall'utente.

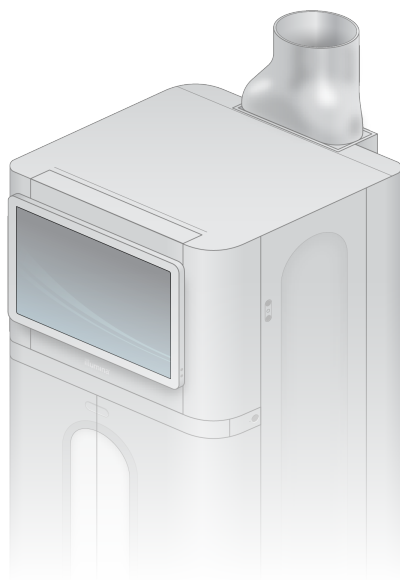
Per i condotti di sfiato, attenersi alle seguenti indicazioni.

- È preferibile un condotto flessibile.
- Se possibile, evitare di piegare i condotti flessibili. Ridurre al minimo le curvature dei condotti flessibili.
- I condotti flessibili con curvature devono mantenere il diametro di 25,4 cm del camino in tutti i punti.
- Eliminare gli schiacciamenti o altre limitazioni al flusso d'aria.
- È possibile utilizzare condotti rigidi. L'uso di condotti rigidi può richiedere lo spostamento dello strumento da parte del personale Illumina per la manutenzione.
- Utilizzare la lunghezza minore possibile dei condotti.
- Assicurarsi che le aperture di ventilazione siano libere da ostruzioni.
- Collocare in uno spazio con una ventilazione sufficiente per evitare che il flusso d'aria venga limitato o che si crei un reflusso all'interno dello strumento.

 L'inosservanza di queste linee guida può influire sulle prestazioni dello strumento e causare guasti di funzionamento.

Il flusso d'aria del camino è di massimo 450 CFM. La temperatura dell'aria del camino è fino a 12 °C superiore alla temperatura ambiente.

Figura 3 Posizionamento del camino per lo sfiato



Manipolazione dei reagenti usati sfusi

I Sistemi di sequenziamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus sono in grado di dispensare il tampone dei reagenti usati in un contenitore per materiali sfusi fornito dal cliente, per il trattamento o la manipolazione separati. I tubi esterni per reagenti usati in dotazione nel kit di accessori sono lunghi 5 metri e si collegano alla parte posteriore sinistra dello strumento.

Illumina supporta solo la raccolta esterna di reagenti usati con i tubi in dotazione. Ogni tubo contiene gli scarti dei tamponi provenienti da una singola posizione della cella a flusso e deve essere convogliato singolarmente nel contenitore per il materiale sfuso.

Il contenitore deve essere collocato entro 5 metri dallo strumento. L'apertura deve trovarsi a un'altezza massima di 1.000 mm dal pavimento.

Connessioni di rete

Sistemi di sequenziamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus richiedono una connessione di rete dedicata. I sistemi non sono indicati per archiviare i dati della corsa.

Una connessione Internet esterna è facoltativa. Tuttavia, il caricamento dei dati delle prestazioni dello strumento su Illumina Proactive e l'assistenza remota da parte dell'Assistenza Tecnica Illumina richiedono una connessione a Internet esterna. Anche il caricamento dei dati di sequenziamento su BaseSpace Sequence Hub richiede una connessione a Internet esterna.

Illumina non installa né fornisce assistenza tecnica per le connessioni di rete. Per indicazioni sulla sicurezza della rete per i sistemi Illumina, consultare [Portale sulla sicurezza dei prodotti Illumina](#).

Attenersi alle seguenti linee guida per installare e configurare una connessione di rete.

- NovaSeq X Series consente la configurazione di rete doppia. Illumina consiglia le seguenti connessioni:
 - connettere LAN1 a Internet utilizzando una connessione Ethernet (GbE) da 1 gigabit;
 - connettere LAN2 al server di rete utilizzando una connessione da 10 GbE.
- Utilizzare un collegamento dedicato tra lo strumento e il sistema di gestione dei dati utilizzando il cavo RJ-45 in dotazione con lo strumento. Utilizzare una connessione diretta o uno switch di rete.
 - Per mantenere le tempistiche di trasferimento dei dati è necessaria una connessione intranet da 10 gigabit (Gb) (dallo strumento all'unità di archiviazione di rete e al firewall perimetrale). Velocità di connessione inferiori comportano una ridotta disponibilità dello strumento, tempistiche di trasferimento dei dati aumentate e potrebbero influire sulle prestazioni della corsa di sequenziamento.
 - La connessione Internet è opzionale.
- Illumina consiglia switch gestiti.
- Calcolare la capacità totale del carico di lavoro su ciascuno switch di rete. Il numero di strumenti collegati e la strumentazione ausiliare, come una stampante, possono incidere sulla capacità.
- Se possibile, isolare il traffico del sequenziamento dall'altro traffico sulla rete.

- Illumina consiglia l'uso di almeno un cavo CAT-6. In dotazione allo strumento è fornito un cavo di rete non schermato lungo 3 m per le connessioni di rete. Per i cavi di lunghezza superiore a 50 m si consiglia di usare un cavo CAT-6A.
- Per connettersi alle reti locali, lo strumento include due interfacce RJ-45 in rame da utilizzare con i cavi forniti. Non sono possibili collegamenti allo strumento in fibra diretta.
- È necessaria una connessione intranet da 10 gigabit (Gb) all'archivio di rete. Velocità di connessione inferiori comportano una ridotta disponibilità dello strumento, tempistiche di trasferimento dei dati aumentate e potrebbero anche influire sulle prestazioni della corsa di sequenziamento.
- Gli switch devono essere non bloccanti, con porte full duplex e con la negoziazione automatica della velocità di collegamento attivata.

Utilizzare la seguente larghezza di banda di rete raccomandata per strumento per le connessioni basate sull'85-90% dell'efficienza di rete.

- 800 megabit al secondo (Mb/s) (solo analisi primaria) o circa 3,5 gigabit al secondo (Gb/s) (analisi primaria e secondaria) di larghezza di banda di rete sostenuta per l'archiviazione dei dati su storage di rete locale.
- Larghezza di banda di rete di 800 Mb/s per il caricamento dei dati di analisi primaria sul cloud.
- 15 Mb/s di larghezza di banda di rete per eseguire solo il monitoraggio della corsa o Illumina Proactive Support.

I file di analisi primaria includono i file BCL e i file ausiliari generati da RTA4. I file di analisi secondaria includono i file di output DRAGEN integrati nello strumento.

Collegamenti interni

Collegamento	Valore	Scopo
Host	https://127.0.0.1	GDS tramite la libreria Kubernetes Client
Porta	6443	GDS tramite la libreria Kubernetes Client

Connessioni in uscita

Per un elenco degli endpoint richiesti per i servizi cloud, consultare la documentazione disponibile su [Portale sulla sicurezza dei prodotti Illumina](#). È necessario effettuare l'accesso per accedere alla documentazione.

Per istruzioni su come connettersi ai servizi basati su cloud sul sistema, consultare [Configurazione di Cloud Settings \(Impostazioni cloud\)](#) e [Illumina Proactive Support \(Supporto proattivo\)](#) alla pagina 50.

Collegamento	Valore	Scopo
Porta	53	Risoluzione dei nomi di dominio con server DNS del cliente
Porta	443	UI o UCS del software di controllo non integrato nello strumento
URL	lus.edicogenome.com*	Server delle licenze di DRAGEN

* Se lus.edicogenome.com non riesce, utilizzare <http://lus.edicogenome.com>.

Connessioni in entrata

Collegamento	Valore	Scopo
Porta	80	Software di controllo non integrato nello strumento (certificato)
Porta	443	Software di controllo non integrato nello strumento (interfaccia utente)

Sicurezza

Sistemi di sequenziamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus sono dotati di unità di crittografia automatica (SED, Self-Encrypting Drive) basata su hardware che utilizzano la crittografia completa del disco (FDE, Full Disk Encryption) con autenticazione pre-avvio. Le chiavi archiviate sulle unità e sul controller del disco crittografano i dati a riposo e in transito. Questo approccio riduce la pressione sulle risorse del sistema operativo perché la crittografia e la decrittazione vengono eseguite in hardware dopo la decrittazione iniziale. Per evitare una potenziale vulnerabilità di sicurezza, le chiavi non sono disponibili per il sistema operativo. Le SED eseguono la crittografia ad ogni spegnimento del sistema, quindi non è possibile rimuovere fisicamente un'unità e montarla altrove per accedere ai dati.

Per indicazioni dettagliate sulla sicurezza informatica, consultare il [Portale sulla sicurezza dei prodotti Illumina](#).

Materiali di consumo e apparecchiature

Questa sezione elenca tutti i componenti inclusi nel kit di reagenti e le condizioni di conservazione. Questa sezione descrive inoltre nel dettaglio i materiali di consumo e gli strumenti aggiuntivi che occorre acquistare per completare il protocollo ed eseguire le procedure di manutenzione e di risoluzione dei problemi.

Materiali di consumo per il sequenziamento

Il sequenziamento su NovaSeq X o NovaSeq X Plus richiede un kit di reagenti monouso NovaSeq X Series. Per le corse di sequenziamento su due lati su NovaSeq X Plus, utilizzare due kit di reagenti. Ciascun componente utilizza l'identificazione a radio frequenza (RFID) per garantire il monitoraggio accurato e la compatibilità dei materiali di consumo. Il kit di reagenti contiene i seguenti componenti:

- Cartuccia di tamponi
- Cella a flusso
- Striscia (a otto) provette della libreria
- Inserto Lyo
- Tampone di precaricamento
- Cartuccia reagenti

I materiali di consumo di NovaSeq X Series sono confezionati nelle seguenti configurazioni.

Nome del kit	Numero di catalogo Illumina
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit	20104706 (300 cicli) 20125968 (200 cicli) 20125967 (100 cicli)
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit	20085594 (300 cicli) 20085595 (200 cicli) 20085596 (100 cicli)
NovaSeq X Series 5B Reagent Kit	20145967 (300 cicli) 20145966 (200 cicli) 20145965 (100 cicli)
NovaSeq X Series 1,5B Reagent Kit	20145964 (600 cicli) 20104705 (300 cicli) 20104704 (200 cicli) 20104703 (100 cicli)

Quando si riceve il kit, ispezionare visivamente ogni componente e provvedere subito a conservare i componenti alla temperatura indicata per garantire le prestazioni corrette.

Tutti i componenti del kit vengono spediti a temperatura ambiente.

Temperature di conservazione e dimensioni

Utilizzare le seguenti specifiche per determinare i requisiti di conservazione. Una corsa con singola cella a flusso richiede uno di ciascuno dei seguenti elementi. Una corsa con doppia cella a flusso richiede due di ciascuno dei seguenti elementi. Non appena si riceve il kit, per assicurare un funzionamento corretto provvedere subito a conservare i componenti del kit alla temperatura indicata.

Elemento	Temperatura di conservazione	Dimensioni dei materiali di consumo	Dimensioni della confezione
Cartuccia reagenti	Tra -25 °C e -15 °C	19,9 cm x 29,3 cm x 8,5 cm	31,2 cm x 23,9 cm x 9,7 cm
Inserto Lyo	Tra -25 °C e -15 °C	9,1 cm x 2,6 cm x 8,3 cm	14,2 cm x 19,1 cm x 2,5 cm
Tampone di primer personalizzato*	Tra -25 °C e -15 °C	11,9 cm x 1,8 cm	3,8 cm x 4,9 cm x 12,6 cm
Tampone di precaricamento*	Tra -25 °C e -15 °C	9,2 cm x 1,6 cm	3,8 cm x 3,8 cm x 10,2 cm
Cella a flusso	Tra 2 °C e 8 °C	8,2 cm x 10,8 cm x 1,3 cm	15,2 cm x 2,5 cm x 20,1 cm
Cartuccia di tamponi	Tra 15 °C e 30 °C	8,0 cm x 30,9 cm x 13,3 cm	31,2 cm x 8,4 cm x 14,0 cm
Striscia (a otto) provette della libreria	Tra 15 °C e 30 °C	9,0 cm x 1,9 cm x 4,1 cm	9,7 cm x 3,8 cm x 5,1 cm

* Conservare i tamponi di precaricamento e di primer personalizzato in posizione verticale e nella confezione per evitare perdite.

 Evitare di fare cadere le cartucce. In caso di caduta potrebbero verificarsi danni. Perdite di reagenti dalla cartuccia possono provocare irritazione alla cute. Prima dell'utilizzo, ispezionare la cartuccia per rilevare eventuali crepe.

Sensibilità alla luce

La cartuccia di reagenti, la cartuccia di tamponi e l'inserto Lyo contengono reagenti sensibili alla luce. Conservare gli articoli imballati fino all'uso e al buio al riparo dalle fonti di luce.

Dettagli sui materiali di consumo

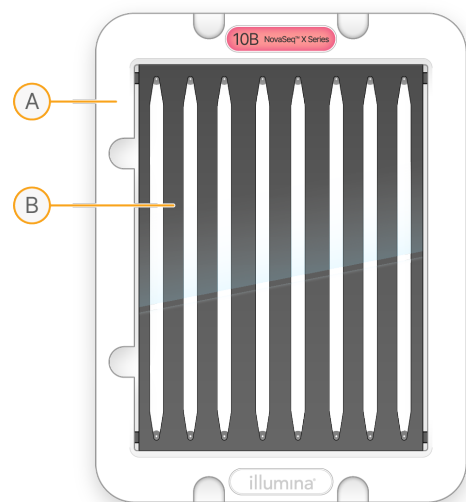
Questa sezione include informazioni aggiuntive sui materiali di consumo forniti e sull'adattatore per striscia (a otto) provette della libreria.

Cella a flusso

Le celle a flusso NovaSeq X Series sono celle a flusso strutturate ("patterned") inserite in cartucce di plastica. La cella a flusso è un substrato in vetro che contiene miliardi di nanopozzetti ordinati per incrementare il numero di letture di output e di dati di sequenziamento. I cluster sono generati nei nanopozzetti nei quali viene eseguito il sequenziamento.

Cella a flusso NovaSeq X Series 25B, Cella a flusso NovaSeq X Series 10B e NovaSeq X Series 5B Reagent Kit dispongono di otto corsie per il sequenziamento delle librerie aggregate. Cella a flusso NovaSeq X Series 1,5B dispone di due corsie per il sequenziamento delle librerie aggregate. Ciascuna corsia viene sottoposta a imaging in strisce multiple. Il software divide l'immagine di ciascuna striscia in porzioni più piccole chiamate tile. Consultare [Real-Time Analysis alla pagina 90](#) per ulteriori informazioni.

Figura 4 Cella a flusso NovaSeq X Series 10B



- A. Cartuccia della cella a flusso
- B. Cella a flusso a 8 corsie (10B)

Figura 5 Cella a flusso
NovaSeq X Series 25B

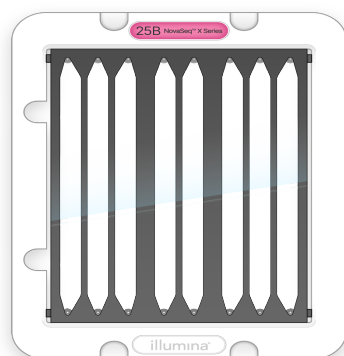


Figura 6 Cella a flusso
NovaSeq X Series 5B

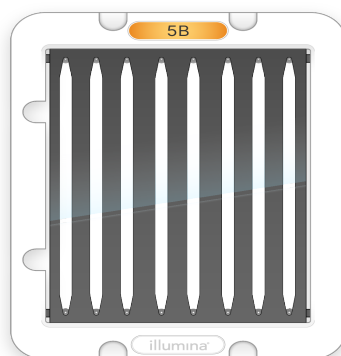
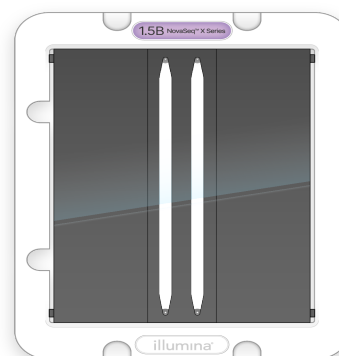


Figura 7 Cella a flusso
NovaSeq X Series 1,5B



Le parti inferiori di Cella a flusso NovaSeq X Series 25B, Cella a flusso NovaSeq X Series 10B e NovaSeq X Series 5B Reagent Kit contengono una guarnizione di ingresso e otto guarnizioni di uscita. La parte inferiore di Cella a flusso NovaSeq X Series 1,5B contiene una guarnizione di ingresso e due guarnizioni di uscita. I reagenti entrano nelle corsie della cella a flusso attraverso le guarnizioni sul lato di entrata della cella a flusso. I reagenti vengono drenati dalle corsie attraverso le guarnizioni sul lato di uscita.

i | Evitare di toccare le guarnizioni quando si manipola la cella a flusso.

Cartuccia di reagenti

La cartuccia di reagenti di sequenziamento è preriempita con reagenti, tamponi e soluzione di lavaggio.

La cartuccia contiene tutti i reagenti per una corsa. La striscia (a otto) provette della libreria e l'inserito Lyo sono caricati nella cartuccia scongelata, che viene quindi caricata sullo strumento. Dopo l'avvio della corsa, i reagenti e la libreria vengono automaticamente trasferiti dalla cartuccia alla cella a flusso. Durante il trasporto, trasportare una sola cartuccia alla volta e impugnarla dai lati.

I pozzetti nelle posizioni n. 3 e n. 8 contengono formammide. Per semplificare lo smaltimento sicuro di qualsiasi reagente non utilizzato dopo una corsa di sequenziamento, questo serbatoio è rimovibile.

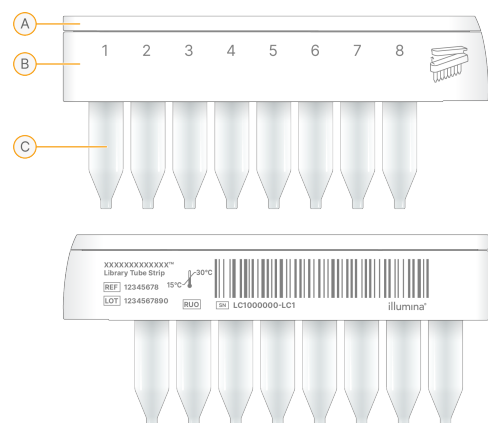
Consultare [Riciclaggio della cartuccia di reagenti alla pagina 86](#) per ulteriori informazioni.



Striscia (a otto) provette della libreria

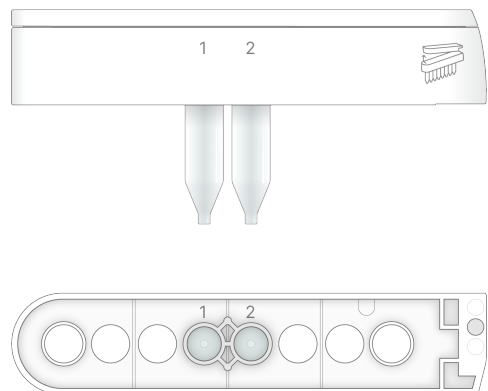
La striscia (a otto) provette della libreria contiene una provetta del campione per ogni corsia della cella a flusso. Ogni provetta del campione è numerata. Durante la pianificazione della corsa, immettere il numero della provetta del campione come numero della corsia.

Figura 8 Striscia (a otto) provette della libreria (8 corsie)



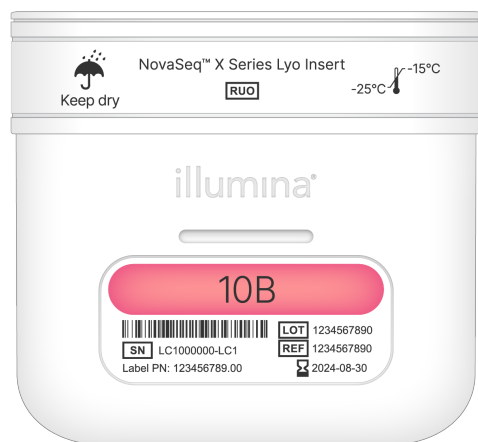
- A. Coperchio della striscia (a otto) provette della libreria
- B. Numero di corsia della cella a flusso
- C. Provetta del campione

Figura 9 Striscia di provette della libreria (2 corsie)



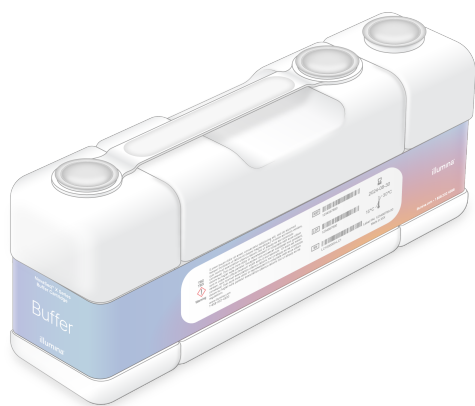
Inserto Lyo

L'inserto Lyo è preimpostato con SBS e reagenti ExAmp preparati. Durante il sequenziamento, lo strumento reidrata automaticamente il reagente ExAmp e quindi trasferisce la miscela alla cella a flusso.



Cartuccia di tamponi

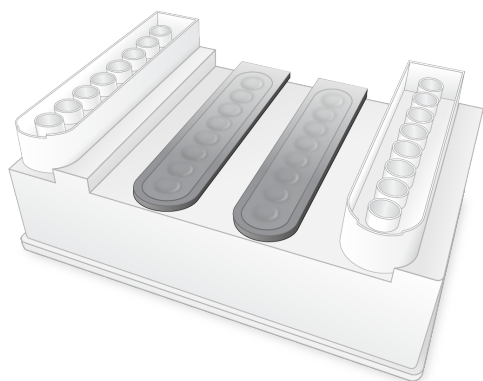
La cartuccia di tamponi è pre-caricata con i tamponi di sequenziamento e pesa un massimo di 2,5 kg. Le rientranze sul fondo permettono di impilare le cartucce di tamponi. La cartuccia di tamponi viene caricata direttamente sullo strumento.



Adattatore per striscia (a otto) provette della libreria

Utilizzare l'adattatore per la striscia (a otto) provette della libreria durante il trasporto, la centrifugazione e la conservazione della striscia (a otto) provette della libreria. L'adattatore include le posizioni in cui inserire le provette della striscia (a otto) provette della libreria e il coperchio. Se si prepara solo una striscia (a otto) provette della libreria per il sequenziamento, assicurarsi di bilanciare l'adattatore prima della centrifugazione con un'altra striscia (a otto) provette della libreria riempita.

Le dimensioni dell'adattatore sono 8,6 cm x 12,8 cm x 3,0 cm.



Descrizione dei simboli

La seguente tabella descrive i simboli presenti sui materiali di consumo o sulla confezione dei materiali di consumo.

Simbolo	Descrizione
	Data di scadenza del materiale di consumo. Per ottenere i risultati migliori, usare i materiali di consumo prima di questa data.
	Indica il fabbricante (Illumina).
	Indica il codice articolo per identificare il materiale di consumo.*
	Indica il codice del batch per identificare il batch o il lotto in cui è stato fabbricato il materiale di consumo.*
	Indica un pericolo per la salute.
	Intervallo della temperatura di conservazione in gradi Celsius. Conservare i materiali di consumo entro l'intervallo indicato.

* REF identifica il singolo componente, mentre LOT identifica il lotto o il batch a cui appartiene il componente.

Apparecchiature e materiali di consumo forniti dall'utente

Le sezioni seguenti forniscono informazioni sui materiali di consumo e sulle apparecchiature forniti dall'utente. Per la diluizione e la denaturazione delle librerie sono necessari materiali di consumo aggiuntivi forniti dall'utente. Per maggiori informazioni, consultare [Generatore del protocollo di denaturazione e diluizione](#).

Materiali di consumo

Materiali di consumo	Fornitore	Scopo
Filtro dell'aria	Illumina, n. di catalogo 20073109	Sostituzione del filtro dell'aria. NovaSeq X Series viene spedito con un filtro dell'aria e quattro ricambi.
Flacone per centrifuga, 500 ml	Fornitore di laboratorio generico	Diluizione di Tween 20 per un lavaggio di manutenzione.
Provetta per centrifuga, 50 ml	Fornitore di laboratorio generico	Diluizione di NaOCl per un lavaggio di manutenzione.
Salviette termosaldare in polinit Contec	VWR, n. di catalogo 68310-176 o equivalente	Pulizia e asciugatura della cella a flusso e del piano portacelle.
Guanti monouso, privi di polvere	Fornitore di laboratorio generico	Uso generico.
NaOCl di grado reagente, 5%	Sigma-Aldrich, n. di catalogo 239305	Esecuzione di un lavaggio di manutenzione.
Punte per pipette da 20 µl	Fornitore di laboratorio generico	Pipettaggio per il caricamento delle librerie.
Punte per pipette da 200 µl	Fornitore di laboratorio generico	Pipettaggio per il caricamento delle librerie.
Punte per pipette da 1.000 µl	Fornitore di laboratorio generico	Pipettaggio per il caricamento delle librerie.
Reagente o alcol isopropilico per spettrofotometria (70%), flacone da 100 ml	Fornitore di laboratorio generico	Pulizia del piano portacelle.

Materiale di consumo	Fornitore	Scopo
Tween 20	Sigma-Aldrich, n. di catalogo P7949	Esecuzione di un lavaggio di manutenzione.
Acqua da laboratorio	Fornitore di laboratorio generico	Diluizione di Tween 20 e di sodio ipoclorito per un lavaggio di manutenzione.
Condizionatore d'acqua	Electron Microscopy Sciences, n. di catalogo 60502-01 o equivalente	Stabilizzazione dell'acqua nei bagni d'acqua e prevenzione della crescita microbica.
[Opzionale] EZwaste HD 20 L, HDPE, tappo da 83 mm, raccordi per tubi 4x DE 1/16", 3x DE 1/4", Hose Barb 1x DI 1/4 o 3/8 e filtro	VWR, n. di catalogo 76018-558 o equivalente	Raccolta degli scarti di tampone dei reagenti usati sfusi.
[Opzionale] Tampone di primer personalizzato NovaSeq X Series	Illumina, n. di catalogo 20100055	Esecuzione del flusso di lavoro del primer personalizzato.
[Opzionale] PhiX Control v3	Illumina, n. di catalogo FC-110-3001	Aggiunta nel controllo PhiX.

Apparecchiatura

Elemento	Fornitore
Centrifuga	Fornitore di laboratorio generico
Congelatore, tra -25 °C e -15 °C	Fornitore di laboratorio generico
Cilindro graduato, 500 ml, sterile	Fornitore di laboratorio generico
Portaghiaccio	Fornitore di laboratorio generico
Pipetta, 20 µl	Fornitore di laboratorio generico
Pipetta, 200 µl	Fornitore di laboratorio generico
Pipetta, 1.000 µl	Fornitore di laboratorio generico
Frigorifero, temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C	Fornitore di laboratorio generico
Vasca, bagni d'acqua*	Fornitore di laboratorio generico

* Utilizzare una vasca in grado di contenere le cartucce di reagenti e il corretto livello di acqua.

Linee guida per l'acqua da laboratorio

Per eseguire le procedure dello strumento, utilizzare sempre acqua di grado da laboratorio o acqua deionizzata. Non usare mai acqua di rubinetto. Utilizzare solo acqua di grado da laboratorio o equivalenti seguenti:

- acqua deionizzata
- PW1 Illumina
- acqua con resistività pari a 18 Megohm ($M\Omega$)
- acqua Milli-Q
- acqua Super-Q
- acqua sterile per biologia molecolare

Configurazione del sistema

Questa sezione fornisce istruzioni per la configurazione del sistema. È possibile modificare le impostazioni di sistema sullo strumento o su un computer collegato in rete.

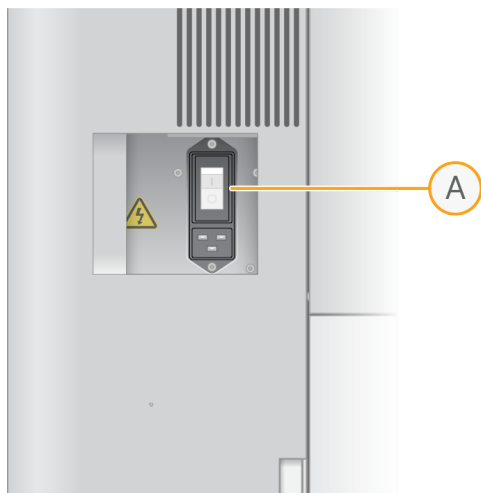
Per informazioni sul computer di controllo dello strumento, sugli account utente Linux, sulle impostazioni di rete o di sicurezza, consultare [Portale sulla sicurezza dei prodotti Illumina](#).

Avvio dello strumento

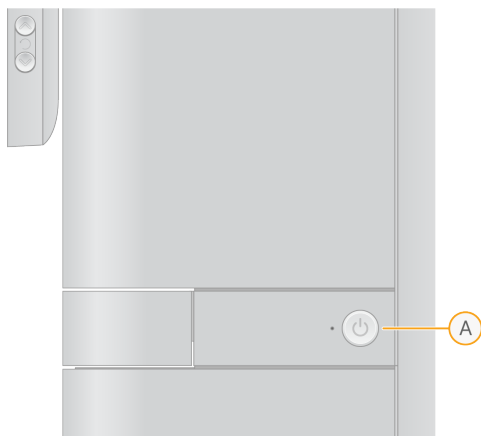
Alla prima accensione di NovaSeq X Series, il sistema operativo deve inizializzare il Software di controllo NovaSeq X Series.

Accendere lo strumento come segue.

1. Spostare l'interruttore a levetta (A) ubicato nella parte posteriore dello strumento in posizione di accensione (I).



2. Quando l'interruttore di alimentazione (A) sul lato destro dello strumento lampeggia, premerlo.



3. Attendere che il sistema operativo termini l'inizializzazione (~35 minuti).
4. Inserire il nome utente e la password per accedere allo strumento.
Consultare [Accesso e disconnessione alla pagina 84](#) per ulteriori informazioni.

Account utente

Software di controllo NovaSeq X Series dispone dei seguenti gruppi di utenti:

- **Sequencer Operators** (Operatori del sequenziatore): consente agli utenti di eseguire il sequenziamento e di accedere a tutte le funzioni di sequenziamento. Per accedere al software di controllo sullo strumento, l'utente deve far parte del gruppo di operatori di sequenziamento.
- **Administrator** (Amministratore): consente agli utenti di accedere a tutte le funzioni dell'amministratore nelle impostazioni. È possibile assegnare il gruppo amministratore quando si aggiunge un utente. Gli amministratori vengono inclusi automaticamente nel gruppo di operatori del sequenziatore.

Autorizzazioni utente

Per ciascun gruppo di utenti sono disponibili le seguenti autorizzazioni. Il gruppo di operatori del sequenziatore è selezionato per impostazione predefinita. Tuttavia, entrambi i gruppi possono essere selezionati quando si aggiunge un utente. Consultare [Aggiunta di utenti alla pagina 47](#) per ulteriori informazioni.

Privilegi	Operatori del sequenziatore	Amministratori
Modifica impostazioni strumento	X	X
Visualizza, aggiunge, modifica e rimuove utenti		X
Imposta criteri password		X
Visualizza applicazioni	X	X
Installa, disinstalla e modifica la configurazione per le applicazioni		X
Esegue le verifiche del sistema	X	X
Visualizza e scarica gli aggiornamenti software disponibili	X	X
Esegue aggiornamenti del software		X
Visualizza risorse	X	X
Aggiunge, modifica e rimuove le risorse		X

Privilegi	Operatori del sequenziatore	Amministratori
Gestisce il software DRAGEN		X
Visualizza il registro di controllo		X
Esporta i registri	X	X
Configura le impostazioni di connettività cloud	X	X
Configura le impostazioni di archiviazione esterna	X	X
Configura le impostazioni di rete		X
Visualizza, aggiunge, modifica ed elimina kit personalizzati di adattatori indice e di preparazione librerie	X	X
Visualizza la schermata About (Informazioni su) del software di controllo	X	X
Riduce a icona ed esce dal software di controllo	X	X
Spegne o riavvia lo strumento	X	X
Sblocca gli sportelli dello strumento	X	X
Crea, modifica o elimina corse pianificate	X	X
Elimina le corse completate	X	X
Configura l'eliminazione automatica dei dati della corsa trasferiti nelle impostazioni dello strumento		X
Esegue il sequenziamento	X	X
Sblocca le corse	X	X
Esegue il lavaggio di manutenzione	X	X
Sostituisce il filtro dell'aria	X	X

Aggiunta di utenti

È possibile aggiungere nuovi utenti utilizzando il Software di controllo NovaSeq X Series. Solo gli amministratori possono aggiungere utenti.

Gli utenti del cloud vengono creati automaticamente quando accedono per la prima volta allo strumento utilizzando le loro credenziali BaseSpace Sequence Hub. Dopo la creazione di un utente del cloud, il relativo gruppo di utenti viene configurato manualmente.

Aggiunta di un utente

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Users** (Utenti).
3. Selezionare **Add user** (Aggiungi utente).
4. Immettere le informazioni seguenti:
 - Nome utente
 - Nome
 - Cognome
5. Confermare che la casella di spunta User enabled (Utente abilitato) sia selezionata per impostare lo stato utente come Active (Attivo).
Solo gli utenti attivi possono accedere allo strumento.
6. Immettere una password temporanea. Le password temporanee non possono essere riutilizzate. L'utente deve modificare la password al primo accesso. Consultare [Requisiti della password alla pagina 48](#) per le raccomandazioni sulle password.
7. Per aggiungere un utente come amministratore, selezionare la casella di spunta **Administrators** (Amministratori).
Per ulteriori informazioni sulle autorizzazioni di gruppo, consultare [Autorizzazioni utente alla pagina 46](#).
8. Al termine, selezionare **Save** (Salva).

Requisiti della password

Quando si crea un utente, utilizzare i seguenti consigli sulle password.

Criterio	Impostazione di sicurezza
Lunghezza password	8-64 caratteri
Requisiti minimi dei caratteri della password	• Un carattere maiuscolo • Un carattere minuscolo • Un carattere numerico • Un carattere speciale
Cronologia password	Non può corrispondere a nessuna delle cinque password precedenti

Gestione degli utenti

Gli amministratori possono gestire gli utenti utilizzando il Software di controllo NovaSeq X Series. Per ulteriori informazioni sull'aggiunta di un utente, consultare [Aggiunta di un utente alla pagina 48](#).

Modifica di un utente

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Users** (Utenti).
3. Selezionare l'utente da modificare.
4. Modificare le impostazioni dell'utente, quindi selezionare **Save** (Salva).
Non è possibile modificare il nome utente.

Rimozione di utenti

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Users** (Utenti).
3. Selezionare **Remove** (Rimuovi) per l'utente che si desidera rimuovere.
4. Nella finestra di dialogo, selezionare **Yes, remove** (Sì, rimuovi).
5. Ripetere i passaggi 3 e 4 per ogni utente da rimuovere.

Aggiornamento delle password

Gli amministratori possono reimpostare le password e aggiornare le impostazioni delle password.

Reimpostazione di una password

Gli amministratori possono reimpostare le password in qualsiasi momento. Quando un amministratore reimposta una password, l'utente può accedere utilizzando la password temporanea generata. Su un computer collegato in rete, è possibile accedere al menu del profilo utente nell'angolo in alto a destra per modificare la password. È possibile reimpostare la propria password solo quando si riceve la notifica di scadenza della password.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Users** (Utenti).
3. Selezionare l'utente da modificare.
4. Selezionare **Reset password** (Reimposta password). Per informazioni sulle restrizioni relative alle password, consultare [Requisiti della password alla pagina 48](#).
L'utente inserisce una nuova password al successivo accesso.
5. Al termine, selezionare **Save** (Salva).

Modifica delle impostazioni delle password

Gli amministratori possono modificare la frequenza di scadenza delle password, il tempo fino alla disconnessione automatica e il numero di tentativi di accesso consentiti. Quando una password è scaduta, durante l'accesso gli utenti ricevono una richiesta di impostare una nuova password.

Le password utilizzano le seguenti impostazioni predefinite:

- Scadenza password: 90 giorni
- Tempo di disconnessione automatica: 30 minuti di inattività
- Tentativi di accesso non validi: cinque

Per modificare le impostazioni predefinite della password, procedere come segue.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Password policy** (Criteri password).
3. Modificare le impostazioni della password come si preferisce.



La disattivazione della scadenza della password o la modifica del tempo di disconnessione automatica a più di 90 minuti di inattività rendono il sistema più suscettibile alle minacce alla sicurezza.

4. Selezionare **Save** (Salva).

Configurazione di Cloud Settings (Impostazioni cloud) e Illumina Proactive Support (Supporto proattivo)

Attenersi alle seguenti istruzioni per configurare il supporto Illumina Proactive (Supporto proattivo) e BaseSpace Sequence Hub o ICA sul sistema. Per ulteriori informazioni su BaseSpace Sequence Hub, consultare la [pagina del sito di supporto di BaseSpace Sequence Hub](#). Per ulteriori informazioni su ICA, consultare la [pagina del sito di supporto di Illumina Connected Analytics](#).

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Cloud settings** (Impostazioni cloud).
3. Per abilitare una connessione cloud, selezionare la posizione di BaseSpace Sequence Hub o del dominio ICA nell'elenco a discesa Hosting location (Posizione dell'hosting).
4. Se si utilizza BaseSpace Sequence Hub Enterprise o ICA, immettere il nome del dominio privato. Non richiesto per gli account BaseSpace Sequence Hub Professional (per professionisti) o Basic (base).
5. Selezionare **Test configuration** (Verifica configurazione) per controllare la connessione al cloud. Assicurarsi di aver aggiunto gli endpoint necessari alla lista di autorizzazioni del firewall. Per un elenco degli endpoint, consultare la documentazione disponibile su [Portale sulla sicurezza dei prodotti Illumina](#). È necessario effettuare l'accesso per accedere alla documentazione.



Se gli endpoint necessari non sono presenti nell'elenco delle autorizzazioni, non sarà possibile connettersi ai servizi Illumina basati su cloud.

6. Selezionare una corsa predefinita tra le seguenti opzioni. È possibile modificare l'impostazione predefinita della corsa durante l'impostazione della corsa.

- **Cloud run monitoring** (Monitoraggio della corsa da cloud): selezionare per abilitare il monitoraggio remoto della corsa. Il supporto Illumina Proactive è incluso automaticamente. Il monitoraggio della corsa è visibile solo in BaseSpace Sequence Hub.
 - **Cloud run storage** (Archiviazione della corsa su cloud): selezionare questa opzione per memorizzare i dati della corsa nel cloud e avviare automaticamente l'analisi. Il supporto Illumina Proactive e il monitoraggio della corsa sono inclusi automaticamente.
7. Se l'archiviazione su cloud è abilitata, selezionare le seguenti caselle di spunta per caricare i file secondari intermedi dall'analisi locale sul cloud:
 - Upload FASTQ files to the cloud (Caricare i file FASTQ sul cloud)
 - Upload BAM/CRAM files to the cloud (Caricare i file BAM/CRAM sul cloud)
 8. Per abilitare Illumina Proactive, selezionare la casella di spunta **Send instrument performance data to Illumina** (Invia dati sulle prestazioni dello strumento a Illumina).
A seconda delle impostazioni del cloud, questa opzione potrebbe essere obbligatoria.
 9. Selezionare **Save** (Salva) per terminare.

Impostazioni di rete

Le credenziali di amministratore sono necessarie per aggiornare le impostazioni di rete, impostare un server proxy, aggiornare le impostazioni del firewall o rinnovare un certificato TLS (Transport Layer Security). Le impostazioni dell'ora non richiedono le credenziali di amministratore. Per assistenza sull'aggiornamento delle impostazioni di rete, contattare l'Assistenza Tecnica Illumina.

Aggiornamento delle impostazioni di rete

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Network settings** (Impostazioni di rete).
Vengono visualizzati il nome dell'host, il nome di dominio e le configurazioni di rete correnti.
3. Per aggiornare il nome dell'host o il nome di dominio facoltativo, selezionare **Edit** (Modifica).
Modificare secondo necessità, quindi selezionare **Save** (Salva).
Dopo aver modificato il nome di dominio, è necessario accedere al software di controllo.
4. Selezionare **Edit** (Modifica) per l'interfaccia di rete che si desidera aggiornare.
Se sono configurate due interfacce di rete (LAN1 e LAN2), l'etichetta principale indica quale rete ha la priorità.
5. Per configurare l'indirizzo IP, utilizzare una delle seguenti opzioni:
 - **Inserimento manuale dell'indirizzo IP:** utilizzare i campi modificabili per configurare l'indirizzo IP, la maschera di rete e il gateway. Il gateway è facoltativo.
 - **Assegnazione automatica dell'indirizzo IP (DHCP):** il protocollo DHCP fornisce automaticamente un indirizzo IP, una maschera di rete e un gateway.
6. Per configurare l'indirizzo IP del server DNS, utilizzare una delle seguenti opzioni:

- **Immissione manuale dell'indirizzo IP del server DNS:** immettere l'indirizzo IP del server DNS. Se non esiste un indirizzo IP del server DNS, lasciare il campo vuoto. Per immettere più indirizzi, utilizzare un elenco separato da virgole.
 - **Assegnazione automatica dell'indirizzo IP del server DNS:** il DHCP fornisce automaticamente uno o più indirizzi IP del server DNS.
7. **[Opzionale]** Immettere un dominio di ricerca DNS.
Per immettere più domini di ricerca, utilizzare un elenco separato da virgole.
 8. Selezionare **Save** (Salva).

Impostazione di un server Proxy

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Proxy settings** (Impostazioni proxy).
3. Selezionare la casella di spunta **Enable proxy** (Abilita proxy).
4. Immettere l'indirizzo e la porta del server.
5. Se il server proxy richiede autenticazione, selezionare la casella di spunta **Requires Username and Password** (Richiede nome utente e password), quindi immettere il nome utente e la password.
6. Selezionare **Save** (Salva).

Rinnovo del certificato TLS

Nel Software di controllo NovaSeq X Series v1.4 e versioni successive, è possibile rinnovare il certificato TLS seguendo le istruzioni riportate sotto. Per rinnovare il certificato TLS sulle versioni precedenti di software di controllo, contattare l'Assistenza Tecnica Illumina.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **TLS certificate** (Certificato TLS).
Vengono visualizzati i dettagli del certificato TLS attualmente installato.
3. Per generare un certificato, selezionare **Use self-signed certificate** (Utilizza certificato autofirmato).
4. Per caricare un nuovo certificato TLS, selezionare **Use my own certificate** (Usa il mio certificato).
Questa opzione richiede il caricamento dei seguenti file:
 - Certificato TLS
 - Chiave TLS
 - Certificato CA
5. Selezionare **Renew TLS certificate** (Rinnova certificato TLS).
Il rinnovo del certificato TLS richiede circa 15 minuti.
6. Selezionare **Continue** (Continua) per accedere allo strumento.

Aggiornamento delle impostazioni dell'ora

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Time settings** (Impostazioni ora).
Se configurato, viene visualizzato l'indirizzo corrente del server di protocollo di tempo di rete (NTP).
3. Per aggiornare l'indirizzo del server, inserire l'indirizzo di un server o pool di server di protocollo del tempo di rete.
Per immettere più server di protocollo del tempo di rete, utilizzare un elenco separato da virgole.
4. Selezionare **Save** (Salva).

Aggiornamento delle impostazioni del firewall

Abilitare le porte di rete 80 e 443 per supportare funzioni che richiedono l'accesso remoto, come la pianificazione remota delle corse, il monitoraggio delle corse, la gestione degli utenti o la gestione delle applicazioni di analisi secondaria.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Firewall settings** (Impostazioni firewall).
3. Selezionare la casella di spunta **Enable network ports 80 and 443 for remote access** (Abilita le porte di rete 80 e 443 per accesso remoto).
4. Selezionare **Save** (Salva).

Impostazione della posizione predefinita della cartella di output

Utilizzare le istruzioni in questa sezione per specificare una cartella di output predefinita o per configurare l'archiviazione esterna. Durante l'impostazione, è possibile modificare la cartella di output per ogni corsa. Il software salva i file CBCL e altri dati della corsa nella cartella di output.

È necessaria una cartella di output a meno che non sia abilitata l'archiviazione su cloud. Utilizzare solo un'unità di rete come cartella di output predefinita. L'utilizzo di una cartella di output integrata nello strumento incide negativamente sulle tempistiche della corsa di sequenziamento.

Aggiunta di un'unità di rete all'unità di archiviazione esterna

Utilizzare le seguenti istruzioni per montare un'unità di rete permanente e impostare la posizione predefinita della cartella di output. Server Message Block (SMB) e Network File System (NFS) sono i soli metodi supportati per il montaggio permanente di un'unità di rete su NovaSeq X Series.

Per utilizzare l'unità di rete come cartella di output, è necessario prima aggiungerla come opzione di unità di archiviazione esterna disponibile.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.

2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **External storage** (Unità di archiviazione esterna).
3. Selezionare **Add network storage** (Aggiungi unità di archiviazione di rete).
4. Selezionare il tipo di unità di rete.
5. Immettere le informazioni seguenti:
 - Posizione del server
 - **[Opzionale]** Dominio
 - Nome utente
 - Password
6. Se si utilizza l'unità SMB per l'archiviazione di rete, selezionare un'opzione di crittografia dei file. Si consiglia di utilizzare la crittografia.
7. Selezionare **Test configuration** (Verifica configurazione) per verificare la connessione dell'unità di archiviazione di rete.
8. Al termine della verifica, selezionare **Save** (Salva).

Dopo il salvataggio, l'opzione di archiviazione di rete diventa una posizione della cartella di output disponibile. Per istruzioni sulla selezione dell'opzione predefinita della cartella di output, consultare [Impostazione di un'unità di archiviazione esterna come cartella di output alla pagina 54](#).

Per rimuovere l'unità di rete in un secondo momento, selezionare **Remove volume** (Rimuovi volume) nella colonna Actions (Azioni) del server nella schermata External storage (Unità di archiviazione esterna).

Impostazione di un'unità di archiviazione esterna come cartella di output

Per utilizzare un'opzione di archiviazione esterna come cartella di output predefinita, selezionare la cartella di output di archiviazione esterna come segue.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **External storage** (Unità di archiviazione esterna).
3. Se è stata aggiunta una cartella di output, selezionare **Edit folders** (Modifica cartelle), quindi **Add folder** (Aggiungi cartella).
4. Se non è stata aggiunta una cartella di output, selezionare **Add folder** (Aggiungi cartella).
5. Selezionare una posizione del server dall'elenco a discesa, quindi selezionare una delle cartelle disponibili.
6. Immettere un soprannome per la cartella.
7. Selezionare **Save** (Salva).
8. Per rimuovere le cartelle di output, selezionare **Remove** (Rimuovi) nella schermata Edit folders (Modifica cartelle).

Gestione delle applicazioni DRAGEN

Gli amministratori possono installare o disinstallare le applicazioni DRAGEN. Per ulteriori informazioni sulla creazione di una corsa pianificata, consultare [Pianificazione di una corsa di sequenziamento alla pagina 64](#).

Installazione delle applicazioni

1. Scaricare l'applicazione (*.iapp) dalla [pagina di supporto di NovaSeq X Series](#). Salvare il programma di installazione su un'unità di rete.

 | Se il formato del file per l'applicazione è IPB2, fare riferimento alle istruzioni per [Aggiornamenti del software alla pagina 97](#).

2. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
3. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Applications** (Applicazioni).
4. Selezionare **Install applications** (Installa applicazioni).
5. Andare al file dell'applicazione e selezionare **Open** (Apri).
Dopo il caricamento del file, vengono visualizzate le informazioni sull'applicazione.
6. Selezionare **Install** (Installa).
Dopo l'installazione dell'applicazione, è possibile esaminare la configurazione dell'applicazione.
Consultare [Modifica delle impostazioni dell'applicazione alla pagina 55](#).

Modifica delle impostazioni dell'applicazione

L'applicazione DRAGEN fornisce un kit di preparazione librerie predefinito, un kit di adattatori indice, informazioni sulla lettura, informazioni sull'indice e autorizzazioni. Alcune applicazioni consentono anche l'impostazione e la configurazione per l'analisi secondaria.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Applications** (Applicazioni).
3. Selezionare l'applicazione da visualizzare.
Dopo aver installato un'applicazione, la schermata Configuration (Configurazione) si apre automaticamente.
4. Modificare una delle seguenti informazioni:
 - Kit di preparazione librerie
 - Kit adattatori indice
 - Letture indici
 - Tipo di lettura
 - Lunghezze indici

- Lunghezza lettura

5. Selezionare **Save** (Salva).

Disinstallazione delle applicazioni

Gli amministratori possono disinstallare le applicazioni.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Applications** (Applicazioni).
3. Selezionare l'applicazione da disinstallare.
4. Selezionare **Uninstall** (Disinstalla).
5. Confermare la disinstallazione dell'applicazione.

Importazione dei file di risorse

È possibile importare genomi o file di riferimento. Per un elenco dei genomi di riferimento sullo strumento, consultare la pagina [NovaSeq X Series Compatible Products](#) (Prodotti compatibili). È possibile rimuovere i genomi di riferimento esistenti o i file di riferimento per liberare spazio sul disco rigido.

Importazione di genomi di riferimento

È possibile aggiungere ed eliminare genomi di riferimento nella scheda Genomes (Genomi) nella schermata delle impostazioni Resources files (File di risorse). La scheda Genomes (Genomi) consente di visualizzare il nome del genoma, se si tratta di un genoma standard o personalizzato, la specie e la fonte del genoma.

1. Assicurarsi che non siano in esecuzione corse di sequenziamento o analisi secondarie integrate nello strumento.
2. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
3. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Resource files** (File di risorse).
4. Nella scheda Genomes (Genomi) selezionare **Import genome** (Importa genoma).
5. Accedere al genoma di riferimento (*.tar.gz), quindi selezionare **Select** (Seleziona).

Il sistema importa il genoma selezionato.

Importazione di file di riferimento

È possibile aggiungere ed eliminare i file di riferimento nella scheda Reference Files (File di riferimento) della schermata Resources files (File di risorse). La scheda Reference Files (File di riferimento) visualizza il nome del file di riferimento, il tipo di file, la descrizione del file e il numero di genomi di riferimento correlati.

Generazione di file di riferimento

Se si esegue un'identificazione CNV, è possibile utilizzare un file facoltativo del pannello dei parametri normali. Il file del pannello dei parametri normali è un algoritmo di normalizzazione basato su riferimenti che utilizza campioni normali abbinati forniti esternamente per determinare un livello di base da cui identificare gli eventi CNV. Questi campioni normali corrispondenti devono essere derivati dallo stesso tipo di campione, dalla stessa preparazione della libreria e dallo stesso flusso di lavoro di sequenziamento utilizzato per il caso-campione. L'algoritmo sottrae le distorsioni a livello di sistema che non sono specifiche del campione.

È possibile utilizzare un pannello di file dei parametri normali per le varianti somatiche e germinali.

Quando si utilizza l'analisi secondaria di DRAGEN Enrichment, è possibile utilizzare un file della linea di base del rumore per filtrare il rumore del sequenziamento o sistematico. È possibile scaricare file del rumore personalizzati standard dal [sito di supporto di Illumina](#) oppure creare un file della linea di base del rumore personalizzato.

Utilizzare una delle seguenti opzioni per generare un pannello dei parametri normali o un file di riferimento del rumore. Si consiglia di utilizzare ~50 campioni.

- Utilizzare il server DRAGEN. Consultare la [pagina del sito di supporto di Illumina DRAGEN Bio-IT Platform](#) per le istruzioni.
- Utilizzare l'app DRAGEN Baseline Builder su Illumina DRAGEN Bio-IT Platform, che accetta FASTQ, BAM o CRAM. L'app Baseline Builder genera un file CNV Baseline (file *.combined.counts.txt.gz).

Importazione di file di riferimento

1. Assicurarsi che non siano in esecuzione corse di sequenziamento o analisi secondarie integrate nello strumento.
2. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
3. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Resource files** (File di risorse).
4. Nella scheda Reference file (File di riferimento) selezionare **Import reference file** (Importa file di riferimento).
5. Andare al file di riferimento, quindi selezionare **Open** (Apri).
6. **[Opzionale]** Inserire una descrizione per il file di riferimento.
7. Immettere un numero di versione.
8. Selezionare un tipo di file dall'elenco a discesa.
Se il tipo di file non è presente nell'elenco, selezionare **Other** (Altro) e immettere il tipo di file nel campo visualizzato.
9. Selezionare i genomi di riferimento correlati al file di riferimento.
10. Selezionare **Save** (Salva).

Importazione di kit personalizzati di preparazione librerie e di adattatori indice

È possibile importare kit personalizzati di preparazione librerie e di adattatori indice da utilizzare nelle corse di sequenziamento. Per poter importare kit personalizzati è necessario essere amministratori. Il kit personalizzato di adattatori indice è indicato dal kit personalizzato di preparazione delle librerie e deve essere importato per primo.

Importazione del kit personalizzato di adattatori indice

È possibile importare kit personalizzati di adattatori indice utilizzando il modello disponibile.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Custom kits** (Kit personalizzati).
3. Per scaricare il file del modello TSV, selezionare **Download template** (Scarica modello).
4. Modificare le seguenti sezioni:
I campi devono iniziare con un carattere alfanumerico e possono contenere solo caratteri alfanumerici, punti, trattini e trattini bassi.
 - **IndexKit** (KitIndici): informazioni generali per il kit di adattatori indice, inclusi nome, versione, descrizione e strategia dell'indice.
 - **Resources** (Risorse): consente di fornire sequenze di adattatori per Read 1 (Lettura 1) e Read 2 (Lettura 2). In base ai valori in questa sezione, il file importato imposta il tipo di kit indici come una delle seguenti opzioni:
 - Standard layout (Layout standard) (non fisso)
 - Fixed layout (Layout fisso) (piastra singola)
 - Fixed plate layout (Layout piastra fissa) (multi piastra)
 - **Indices** (Indici): un elenco di indici, tra cui nome, sequenza dell'adattatore e se l'indice è per Index 1 (Indice 1) o Index 2 (Indice 2).
5. Rimuovere le istruzioni del modello racchiuse nelle parentesi angolari (< >), quindi salvare il file TSV.
6. Selezionare **Import index adapter kit** (Importa kit adattatori indice), andare al kit personalizzato di adattatori indice (*.tsv), quindi selezionare **Open** (Apri).
7. Dopo aver importato correttamente il kit personalizzato di adattatori indice, selezionare il nome per rivedere e modificare le informazioni.

Aggiungere il kit personalizzato di preparazione delle librerie

Attenersi alle seguenti istruzioni per caricare i kit personalizzati di preparazione delle librerie.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Custom kits** (Kit personalizzati).

3. Selezionare **Add library prep kit** (Aggiungi kit di preparazione delle librerie), quindi immettere le seguenti informazioni:
 - Nome del kit di preparazione delle librerie
 - **[Opzionale]** Descrizione
 - **[Opzionale]** Organizzazione. Azienda o istituto che possiede il kit personalizzato di preparazione delle librerie. L'organizzazione non può essere Illumina.
 - Tipi di lettura consentiti
 - Tipo di lettura predefinito
 - Ciclo di lettura predefinito
4. Dall'elenco a discesa, selezionare almeno un kit di adattatori indice compatibile.
5. Selezionare **Save** (Salva).
6. Dopo aver aggiunto correttamente il kit di preparazione delle librerie, selezionare il nome per controllare e modificare le informazioni.

Personalizzazione delle impostazioni del sistema

Questa sezione include le informazioni sulla configurazione delle impostazioni disponibili per la personalizzazione. È anche possibile modificare le impostazioni predefinite della singola corsa durante la revisione della corsa.

Per impostare una cartella di output predefinita, consultare [Impostazione della posizione predefinita della cartella di output alla pagina 53](#)

Nome dello strumento

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Instrument settings** (Impostazioni strumento).
3. Immettere un nome prescelto per lo strumento.
Il nome può includere fino a 20 caratteri alfanumerici e comparire nella parte superiore di ogni schermata.
4. Selezionare **Save** (Salva).

Mancata corrispondenza dell'ID provetta libreria

Per configurare la modalità di gestione di una mancata corrispondenza tra l'ID della striscia di provette della libreria nel foglio campioni e la striscia di provette della libreria caricata, procedere come segue.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Instrument settings** (Impostazioni strumento).
3. Selezionare una delle opzioni seguenti:

- **Display warning and allow to continue with mismatch** (Mostra avvertenza e consenti di proseguire con la mancata corrispondenza): consente all'utente di selezionare una corsa diversa, ricaricare un'altra striscia di provette della libreria o continuare con la mancata corrispondenza.
- **Block from continuing with sequencing** (Bloccare il proseguimento del sequenziamento): l'utente deve scegliere tra la selezione di un'altra corsa o il ricaricamento della striscia di provette della libreria.

4. Selezionare **Save** (Salva).

Impostazione della selezione della corsa predefinita

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Instrument settings** (Impostazioni strumento).
3. Selezionare una corsa predefinita tra le seguenti opzioni:
 - selezionare la corsa pianificata
 - inserire manualmente le informazioni della corsa (solo BCL)
 - importare il foglio campioni per l'analisi locale
4. **[Opzionale]** Impostare le lunghezze di lettura predefinite per le corse manuali come segue.
 - a. Confermare che il tipo di corsa manuale è la selezione predefinita della corsa.
 - b. Selezionare la casella di controllo **Default read lengths** (Lunghezze di lettura predefinite).
 - c. Immettere le informazioni di lettura e indici.
5. Selezionare **Save** (Salva).

Rilevamento automatico delle informazioni degli indici

Questa funzione richiede BCL Convert 1.4 o versione successiva. Quando è abilitata, questa funzione consente al sistema di rilevare automaticamente le informazioni degli indici e generare report demultiplex e BCL Convert. Questa impostazione di sistema si applica a tutte le corse, a meno che il rilevamento automatico degli indici sia diversamente configurato in un foglio campioni importato. Per ulteriori informazioni, consultare le note di rilascio di DRAGEN su NovaSeq X Series disponibili nella [pagina di supporto di NovaSeq X Series](#).

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Instrument settings** (Impostazioni strumento).
3. Per modificare l'impostazione predefinita, deselezionare la casella di controllo **Automatically detect and update index information** (Rilevamento e aggiornamento automatico delle informazioni degli indici).
4. **[Opzionale]** Selezionare la casella di controllo **Save FASTQ files for sequencing only runs** (Salva file FASTQ per corse di solo sequenziamento).

5. Selezionare **Save** (Salva).

Impostazione della gestione dati della corsa predefinita

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Run output file settings** (Impostazioni del file di output della corsa).
3. Per modificare l'impostazione predefinita per le corse con analisi secondaria locale, deselezionare la casella di spunta **Transfer BCL data folder to the external storage and/or cloud** (Trasferisci cartella dati BCL nella memoria esterna e/o nel cloud).
Questa impostazione non si applica alle corse manuali che generano solo file BCL o che vengono eseguite con l'analisi nel cloud.
4. **[Opzionale]** Selezionare l'opzione per eliminare dallo strumento i file dell'analisi secondaria dopo che sono stati trasferiti nella memoria esterna o nel cloud.
Questa impostazione richiede le autorizzazioni di amministratore.
5. Selezionare **Save** (Salva).

Primer personalizzati

Per utilizzare primer personalizzati per una corsa sono necessari i seguenti passaggi aggiuntivi durante la configurazione della corsa.

- Preparare e aggiungere il volume appropriato di ciascun primer personalizzato alle posizioni del primer personalizzato della cartuccia di reagenti.
- Durante la revisione della corsa, configurare la corsa per l'uso dei primer personalizzati.
 - Per Software di controllo NovaSeq X Series v1.2 e versioni precedenti, scaricare il file XML della ricetta del primer personalizzato appropriato dalla [pagina del sito di supporto di NovaSeq X Series](#). Caricare la ricetta del primer personalizzato durante la revisione della corsa.
 - Per Software di controllo NovaSeq X Series v1.3 e versioni successive, selezionare le caselle di spunta dei primer personalizzati pertinenti. Il caricamento di una ricetta personalizzata disabilita le caselle di spunta del primer personalizzato.

Tutti gli altri passaggi seguono il flusso di lavoro standard. Consultare [Protocollo alla pagina 64](#) per istruzioni sul protocollo di sequenziamento.

Quando si utilizzano primer personalizzati per la Read 1 (Lettura 1) o la Read 2 (Lettura 2), il software ordina allo strumento di estrarre dai pozzetti CP1 e CP2. Pertanto, i primer Illumina non vengono utilizzati per la corsa di sequenziamento. I primer Illumina si riferiscono ai primer già presenti nella cartuccia di reagenti.

Se i primer Illumina non vengono utilizzati per la Read 1 (Lettura 1) o la Read 2 (Lettura 2), il controllo PhiX Illumina facoltativo *non* viene sequenziato. Per utilizzare il controllo PhiX con primer personalizzati, contattare l'Assistenza Tecnica Illumina per indicazioni.

i | Poiché PhiX non è indicizzato, i dati di sequenziamento del controllo PhiX non vengono generati per le letture indici a prescindere dal primer indicizzazione utilizzato.

Preparazione e aggiunta di primer personalizzati

I primer personalizzati vengono preparati utilizzando il tampone di primer personalizzato di NovaSeq X Series e quindi aggiunti alla cartuccia di reagenti. Prima di procedere, assicurarsi che la cartuccia di reagenti sia stata scongelata e controllata.

Preparazione dei primer personalizzati

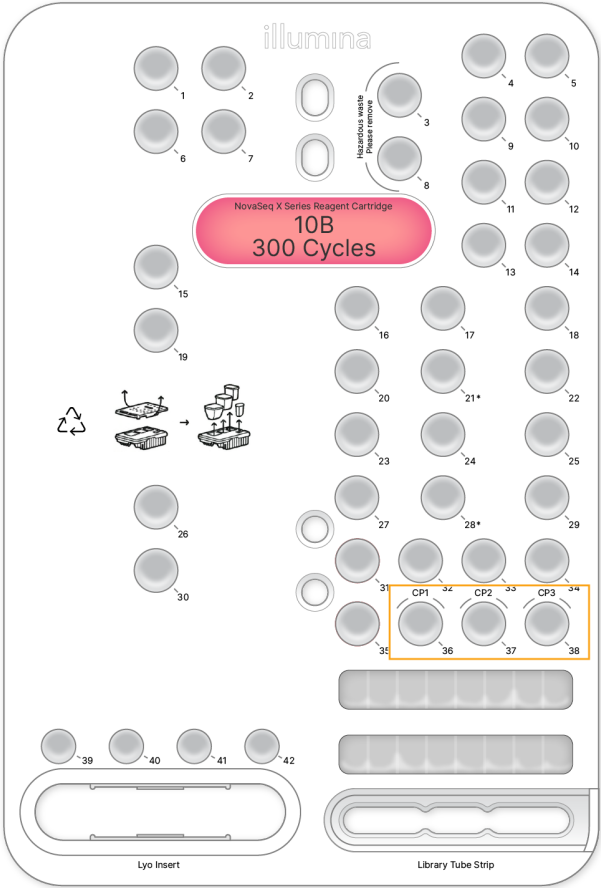
1. Se congelato, scongelare ciascun primer personalizzato da utilizzare.
2. Utilizzare il tampone di primer personalizzato di NovaSeq X Series per diluire i primer personalizzati per ottenere i seguenti volumi a una concentrazione finale di 0,3 μM . Quando si combinano i primer per realizzare la lettura indici personalizzata o qualsiasi miscela di primer con lettura personalizzata, ciascun primer deve avere una concentrazione finale di 0,3 μM .

Primer personalizzato	Volume (ml) per Cella a flusso 1,5B	Volume (ml) per Cella a flusso 5B, 10B o 25B
Read 1 (Lettura 1) del primer personalizzato	3	5
Read 2 (Lettura 2) del primer personalizzato	3	5
Miscela di primer Index 1 (Indice 1) e Index 2 (Indice 2) personalizzato	5	6

Aggiunta di primer personalizzati

1. Utilizzare una salvietta termosaldada in polinit per pulire il sigillo in alluminio che copre ogni posizione del primer personalizzato.

Posizione	Primer personalizzato
CP1	Read 1 (Lettura 1) del primer personalizzato
CP2	Read 2 (Lettura 2) del primer personalizzato
CP3	Miscela di primer Index 1 (Indice 1) e Index 2 (Indice 2) personalizzato



- Utilizzando un puntale per pipette pulito, perforare il sigillo che copre ogni posizione del primer personalizzato.
- Aggiungere i seguenti volumi di primer personalizzato nella posizione appropriata sulla cartuccia di reagenti. Non toccare il sigillo mentre si dispensa il primer.

Posizione	Primer personalizzato	Volume (ml) per Cella a flusso 1,5B	Volume (ml) per Cella a flusso 5B, 10B o 25B
CP1	Read 1 (Lettura 1) del primer personalizzato	3	5
CP2	Read 2 (Lettura 2) del primer personalizzato	3	5
CP3	Miscela di primer Index 1 (Indice 1) e Index 2 (Indice 2) personalizzato	5	6

Protocollo

Questa sezione fornisce istruzioni dettagliate su come preparare i materiali di consumo e configurare una corsa di sequenziamento.

Quando si manipolano i reagenti o altre sostanze chimiche, indossare occhiali di sicurezza, un camice da laboratorio e guanti privi di polvere.

Prima di iniziare un protocollo, assicurarsi di avere a disposizione le apparecchiature e i materiali di consumo necessari. Consultare [Materiali di consumo e apparecchiature alla pagina 35](#).

Attenersi ai protocolli nell'ordine indicato, utilizzando i volumi, le temperature e le durate indicate.

Pianificazione di una corsa di sequenziamento

È possibile utilizzare una delle seguenti opzioni per pianificare una corsa di sequenziamento per NovaSeq X Series. Dopo aver impostato una corsa, la corsa pianificata viene visualizzata nella scheda Planned (Pianificato) nella schermata Runs (Corse) ed è disponibile per la selezione quando si avvia una corsa di sequenziamento.

- Per pianificare le corse nel cloud, utilizzare BaseSpace Sequence Hub.
 - Prima di pianificare una corsa, assicurarsi di aver configurato le impostazioni del cloud. Per ulteriori informazioni, consultare [Configurazione di Cloud Settings \(Impostazioni cloud\) e Illumina Proactive Support \(Supporto proattivo\) alla pagina 50](#).
 - Dopo il salvataggio, la corsa è disponibile sullo strumento per il sequenziamento. Se lo strumento non è collegato al cloud, è possibile esportare un file v2 del foglio campioni e importare la corsa di sequenziamento nel sistema di sequenziamento.
 - Per ulteriori informazioni su BaseSpace Sequence Hub, consultare la [pagina del sito di supporto di BaseSpace Sequence Hub](#).
- Per pianificare la corsa a livello locale, utilizzare il Software di controllo NovaSeq X Series disponibile sullo strumento o tramite un computer collegato in rete.
 - Dopo il sequenziamento, l'analisi integrata nello strumento si avvia automaticamente. I dati CBCL e i file di output dell'analisi secondaria DRAGEN vengono memorizzati nella cartella di output selezionata.
 - Se si utilizza un computer collegato in rete, il computer deve essere connesso alla stessa rete locale del sistema di sequenziamento e avere un certificato di root installato.
 - Per configurare una corsa ed eseguire il sequenziamento senza una connessione di rete, consultare [Avvio di una corsa manuale alla pagina 74](#) o [Importazione di un foglio campioni alla pagina 73](#).

Creazione di una corsa pianificata

Per pianificare una nuova corsa di sequenziamento, utilizzare l'interfaccia di pianificazione della corsa sullo strumento o sul cloud. In alternativa, è possibile importare un file del foglio campioni v2 per creare una corsa pianificata.

Se necessario, utilizzare una delle seguenti opzioni per generare un foglio campioni.

- Andare al software di controllo remoto. Selezionare il nome della corsa, quindi selezionare **Export Sample Sheet** (Esporta foglio campioni). Selezionare **Export** (Esporta) per salvare il foglio campioni.
- Pianificare una corsa di sequenziamento in BaseSpace Sequence Hub Run Planning (Pianificazione corsa BaseSpace Sequence Hub) e utilizzare l'unità di archiviazione locale. Dopo aver terminato la pianificazione della corsa, esportare il foglio campioni.
- Utilizzare un foglio campioni situato nella cartella di output di una corsa di sequenziamento completata.

Creazione di una corsa

Per pianificare una corsa sullo strumento, accedere alla scheda Planned (Pianificato) nella schermata Runs (Corse). In BaseSpace Sequence Hub, utilizzare l'opzione di pianificazione della corsa. Fornire le informazioni necessarie come indicato nell'interfaccia.

Impostazioni della corsa	Dettagli
Nome della corsa	Nome univoco per identificare la corsa.
Descrizione della corsa	Descrizione della corsa.
Piattaforma dello strumento	Sistema di sequenziamento (NovaSeq X Series).
Analisi secondaria	Indica la posizione dell'analisi secondaria, se applicabile. Analizzare i dati del sequenziamento sul cloud con BaseSpace Sequence Hub o sullo strumento. In alternativa, impostare una corsa senza analisi secondaria.
Numero di cicli in ciascuna lettura	Immettere i valori per Read 1 (Lettura 1), Index 1 (Indice 1), Index 2 (Indice 2) e Read 2 (Lettura 2). Consultare Numero di cicli alla pagina 66 per ulteriori informazioni. Per una corsa solo con PhiX, immettere 0 in entrambi i campi dell'indice.
ID provette della libreria	L'ID si trova sull'etichetta della striscia (a otto) provette della libreria. Questa impostazione può anche essere definita ID del contenitore campioni.

Per informazioni sulla configurazione dell'analisi secondaria, consultare [Impostazione dell'analisi secondaria alla pagina 67](#).

Importazione di un foglio campioni

1. Andare alla scheda Planned (Pianificato) nella schermata Runs (Corse).
2. Selezionare **Import sample sheet** (Importa foglio campioni), quindi aprire il file v2 del foglio campioni.
Per maggiori informazioni sulla formattazione e sui requisiti del foglio campioni, consultare la [pagina di supporto Sample Sheet v2 Resources](#).
3. Dopo aver convalidato il foglio campioni, selezionare **Next** (Avanti) per rivedere i dettagli della corsa importata.
Durante la revisione, i dettagli della corsa importata sono modificabili.
4. **[Opzionale]** Eseguire una delle seguenti azioni:
 - Per modificare le impostazioni della corsa o configurazione, selezionare **Edit** (Modifica) accanto alla corsa o configurazione.
 - Per eliminare una configurazione, selezionare **Delete** (Elimina) accanto alla configurazione, quindi selezionare **Yes, delete** (Sì, elimina).
 - Per aggiungere un'altra configurazione di analisi alla corsa, selezionare **Add another configuration** (Aggiungi un'altra configurazione).
5. Per salvare la corsa, selezionare una delle seguenti opzioni.
 - Per modificare i dettagli della corsa in un secondo momento, selezionare **Save as draft** (Salva come bozza).
 - Selezionare **Save as planned** (Salva come pianificata) per finalizzare i dettagli della corsa e pianificarla per il sequenziamento.

Numero di cicli

Il numero totale di cicli di lettura e di cicli dell'indice non può superare il numero di cicli specificato dal kit dei reagenti. Il limite del ciclo dell'indice si applica ai cicli utilizzati come indice, non ai cicli dell'identificativo molecolare unico (Unique Molecular Identifier, UMI) o alle letture sottoposte a trimming (rifilatura).

Se si pianifica una corsa sul cloud che utilizza più configurazioni di analisi, fornire la lunghezza di lettura più lunga richiesta dalla configurazione. Quando si imposta una configurazione, l'override regola automaticamente la lunghezza in base alle lunghezze consigliate per il kit di preparazione delle librerie selezionato.

Il valore per Read 2 (Lettura 2) è di solito uguale al valore per Read 1 (Lettura 1).

Limiti dei cicli

- Read 1 (Lettura 1): fino a 301 cicli.

- Index 1 (Indice 1): fino a 12 cicli per una corsa pianificata in BaseSpace Sequence Hub. Fino a 10 cicli per i cicli pianificati sullo strumento.
- Index 2 (Indice 2): fino a 12 cicli per una corsa pianificata in BaseSpace Sequence Hub. Fino a 10 cicli per i cicli pianificati sullo strumento.
- Read 2 (Lettura 2): fino a 301 cicli.

Impostazione dell'analisi secondaria

Sistemi di sequenziamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus consentono di eseguire più analisi DRAGEN in una singola corsa di sequenziamento. Prima di impostare l'analisi secondaria, assicurarsi di aver installato l'applicazione DRAGEN appropriata sullo strumento. Per ulteriori informazioni sull'installazione delle applicazioni DRAGEN, consultare [Installazione delle applicazioni alla pagina 55](#).

È possibile creare fino a 12 combinazioni di applicazione di analisi e genoma di riferimento con un'applicazione aggiuntiva di sola BCL Convert (Conversione BCL). Per ciascuna combinazione, è possibile utilizzare fino a 32 configurazioni utilizzando un kit di preparazione librerie diverso, un kit di adattatori indice o impostazioni di configurazione per una combinazione di applicazione di analisi e genoma di riferimento già in uso.

Nel limite delle 12 configurazioni sono incluse le seguenti combinazioni:

- la stessa applicazione di analisi e la stessa versione dell'applicazione con un genoma di riferimento diverso
- lo stesso genoma di riferimento con un'applicazione o una versione dell'applicazione diversa
- un'applicazione o una versione dell'applicazione diversa con un genoma di riferimento diverso

Configurare l'analisi secondaria come segue.

1. Selezionare un'applicazione e fornire le seguenti impostazioni di configurazione per la corsa:

- **[Opzionale]** Descrizione della configurazione
- Kit di preparazione librerie
- Kit di adattatori indice
- Genoma di riferimento (non applicabile per DRAGENBCL Convert)

Quando si seleziona un kit di preparazione librerie Illumina, le sequenze dell'adattatore per Read 1 (Lettura 1) e Read 2 (Lettura 2) vengono compilate automaticamente e non possono essere modificate. Anche i cicli di override vengono compilati automaticamente.

2. Se necessario, fornire impostazioni di analisi aggiuntive. Le impostazioni disponibili o necessarie variano in base all'applicazione, alla versione dell'applicazione e alle impostazioni di configurazione selezionate. Per ulteriori informazioni sull'analisi secondaria DRAGEN, consultare la [pagina di supporto di Illumina DRAGEN Bio-IT Platform](#) e le note di rilascio di DRAGEN su NovaSeq X Series disponibili nella [pagina di supporto di NovaSeq X Series](#).
3. Per immettere le informazioni sul campione, utilizzare una delle seguenti opzioni:

- Per importare le informazioni del campione, scaricare il modello CSV, aggiungere le informazioni del campione e importare il file CSV modificato.
- Copiare gli ID dei campioni e le posizioni dei pozzetti della piastra degli indici oppure gli indici i7 e i5 direttamente da un file esterno. Prima di incollare, aggiungere altre righe del campione secondo necessità. Gli ID dei campioni possono contenere fino a 20 caratteri alfanumerici, trattini e trattini bassi.

i | Le piastre di indici a layout fisso richiedono l'immissione di valori per la posizione del pozzetto. Gli indici che non hanno un layout fisso richiedono l'immissione degli indici i7 e i5; gli indici i5 devono essere immessi in orientamento forward.

- Immettere manualmente gli ID dei campioni corrispondenti alle posizioni dei pozzetti o indici. Se per il kit di preparazione delle librerie viene selezionato Not Specified (Non specificato), immettere le sequenze per Index 2 (i5) (Indice 2 - i5) in orientamento forward.

4. Completare la configurazione della corsa.

- Per modificare i dettagli della corsa in un secondo momento, selezionare **Save as draft** (Salva come bozza).
- Selezionare **Save as planned** (Salva come pianificato) per finalizzare i dettagli della corsa e renderla disponibile per il sequenziamento.

Scongelamento dei materiali di consumo

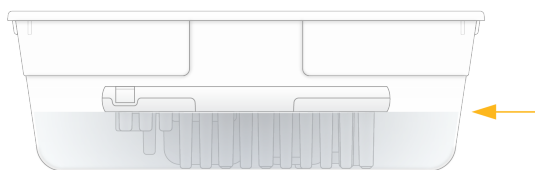
Attenersi alle seguenti istruzioni per scongelare i materiali di consumo prima del sequenziamento.

Scongelamento della cartuccia di reagenti in un bagno d'acqua controllato

Attenersi alle seguenti istruzioni per scongelare la cartuccia di reagenti utilizzando un bagno d'acqua a temperatura ambiente (compresa tra 15 °C e 30 °C).

! | L'inserimento della striscia (a otto) provette della libreria o dell'inserto Lyo nella cartuccia di reagenti durante lo scongelamento potrebbe causare una riduzione della qualità dei dati o un errore di analisi.

1. Indossare un nuovo paio di guanti privi di polvere e rimuovere la cartuccia dal luogo di conservazione a temperatura compresa tra -25 °C e -15 °C.
2. Rimuovere la cartuccia dalla scatola, quindi rimuoverla dal sacchetto.
3. Immergere la cartuccia di reagenti in un bagno d'acqua da laboratorio a temperatura ambiente fino a quando l'acqua non raggiunge il fondo del coperchio della cartuccia.



! | L'utilizzo di acqua calda per lo scongelamento dei reagenti può causare una ridotta qualità dei dati o una corsa non riuscita.

4. Scongellare per 4 ore. Non superare le 24 ore.
5. **[25B, 10B, 5B]** Per confermare che i reagenti sono scongelati, ispezionare il pozzetto in posizione n. 30 sul lato inferiore della cartuccia e assicurarsi che il contenuto sia privo di ghiaccio.
Per il NovaSeq X Series 1,5B Reagent Kit, Illumina consiglia di attenersi rigorosamente alle condizioni e ai tempi di scongelamento indicati. Per questo kit, i controlli visivi per confermare lo scongelamento dei reagenti potrebbero non essere accurati.
6. Asciugare completamente la cartuccia utilizzando salviette di carta. Asciugare tra i pozzetti sotto la cartuccia per rimuovere tutta l'acqua.
7. Capovolgere o picchiare delicatamente il fondo della cartuccia sul banco per rimuovere l'acqua in eccesso.
8. Ispezionare i sigilli in alluminio per rilevare l'eventuale presenza di acqua.
9. Se è ancora presente acqua, tamponare con un panno che non lascia residui.
10. Capovolgere la cartuccia 10 volte per miscelare i reagenti.
11. Picchiare delicatamente il fondo della cartuccia sul banco per ridurre le bolle d'aria.
12. Se la cartuccia di reagenti non può essere caricata nello strumento entro 24 ore, conservarla a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C per un massimo di 72 ore o riporla nuovamente a una temperatura compresa tra -25° C e -15 °C per un massimo di 7 giorni. Dopo lo scongelamento, non ricongelare più di una volta.

Scongellamento della cartuccia di reagenti in frigorifero

Attenersi alle seguenti istruzioni per scongelare la cartuccia di reagenti in un frigorifero a temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C.

! | L'inserimento della striscia (a otto) provette della libreria o dell'inserto Lyo nella cartuccia di reagenti durante lo scongelamento potrebbe causare una riduzione della qualità dei dati o un errore di analisi.

1. Indossare un nuovo paio di guanti privi di polvere e rimuovere la cartuccia dal luogo di conservazione a temperatura compresa tra -25 °C e -15 °C.

2. Rimuovere la cartuccia dalla scatola, quindi rimuoverla dal sacchetto.
3. Scongellare in frigorifero (a temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C) per 48 ore.
4. Capovolgere la cartuccia 10 volte per miscelare i reagenti.
5. Picchiettare delicatamente il fondo della cartuccia sul banco per ridurre le bolle d'aria.
6. Se la cartuccia di reagenti non può essere caricata nello strumento entro 24 ore, conservarla a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C per un massimo di 72 ore o riportarla nuovamente a una temperatura compresa tra -25° C e -15 °C per un massimo di 7 giorni. Dopo lo scongelamento, non ricongelare più di una volta.

Scongellamento dell'inserito Lyo

1. Togliere l'inserito Lyo dalla conservazione a temperatura compresa tra -25 °C e -15 °C.
2. Scongellare a temperatura ambiente per 10 minuti.
3. Se non è possibile caricare l'inserito Lyo entro 24 ore, riportarlo a una temperatura di conservazione compresa tra -25 °C e -15 °C. Dopo lo scongelamento, non ricongelare più di una volta.

Scongellamento dei tamponi di precaricamento e di primer personalizzato

1. Togliere i tamponi di precaricamento e di primer personalizzato dalla conservazione a -25 °C a -15 °C.
2. Scongellare a temperatura ambiente per 10 minuti, quindi capovolgere cinque volte.
3. Se i tamponi di precaricamento e di primer personalizzato non possono essere caricati entro 8 ore, riportarli nuovamente a una temperatura compresa tra -25 °C e -15 °C. Dopo lo scongelamento, non ricongelare più di una volta.

Scongellamento della cella a flusso

1. Rimuovere la confezione di una nuova cella a flusso dalla conservazione a temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C.
2. Mettere da parte la confezione della cella a flusso sigillata per 10-15 minuti per consentire alla cella di raggiungere la temperatura ambiente.
3. Lasciare la cella a flusso nella confezione fino all'uso. Utilizzare la cella a flusso entro 2 ore dalla rimozione dalla conservazione. Se la cella a flusso non può essere utilizzata entro 2 ore, riportarla a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C e utilizzarla entro 24 ore.

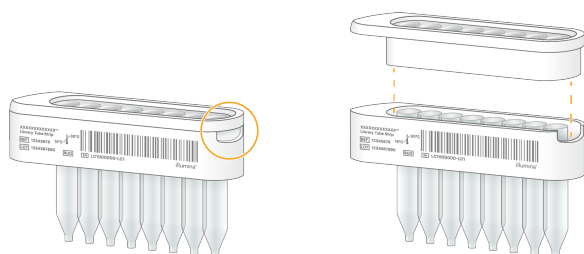
Denaturazione e diluizione delle librerie

Per informazioni su denaturazione e diluizione, consultare [Generatore del protocollo di denaturazione e diluizione](#).

Caricare l'inserto Lyo e la striscia (a otto) provette della libreria

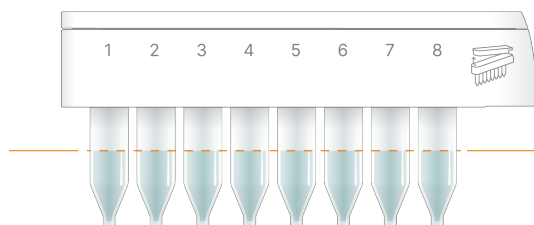
Prima del sequenziamento, caricare l'inserto Lyo e la striscia (a otto) provette della libreria nella cartuccia di reagenti come segue.

1. Registrare l'ID della provetta della libreria sulla striscia (a otto) provette della libreria. L'ID della provetta della libreria viene utilizzato durante la pianificazione di una corsa di sequenziamento.
2. Togliere il tappo dalla striscia (a otto) provette della libreria. Non forare i sigilli della striscia (a otto) provette della libreria.



3. Dispensare la quantità appropriata di libreria denaturata o libreria denaturata con PhiX in ciascuna provetta del campione.
 - [25B] 275 µl
 - [10B, 5B, 1,5B] 165 µl
4. Aggiungere la quantità appropriata di tampone di precaricamento a tutte le provette di campione non utilizzate.
 - [25B] 275 µl
 - [10B, 5B, 1,5B] 165 µl
5. Dopo aver dispensato le librerie, richiudere la striscia (a otto) provette della libreria. Assicurarsi che non siano presenti sacche d'aria sul fondo delle provette.
6. Centrifugare a $280 \times g$ per 1 minuto utilizzando l'adattatore per strisce (a otto) provette della libreria. Assicurarsi di controbilanciare l'adattatore per strisce (a otto) provette della libreria caricato con un altro adattatore caricato con una striscia (a otto) provette della libreria riempita fino a 275 o 165 µl per provetta.

! La centrifugazione a una velocità superiore a quella consigliata da Illumina potrebbe causare il distacco del lettore RFID della striscia di provette della libreria.
7. Ripetere la centrifugazione se le librerie non sono raccolte sul fondo della provetta.
8. Assicurarsi che il volume sia uniforme in tutte le provette.



9. Inserire la striscia (a otto) provette della libreria nella cartuccia di reagenti e premere verso il basso. Quando la striscia (a otto) provette della libreria è in posizione si avverte un “clic”.
10. Inserire l’inserto Lyo nella cartuccia di reagenti e premere verso il basso. Quando l’inserto Lyo è in posizione si avverte un “clic”.

Avvio di una corsa di sequenziamento

È possibile avviare una corsa di sequenziamento selezionando una corsa pianificata o creando una corsa manuale. Per avviare una corsa sul lato inattivo dello strumento mentre è in svolgimento una corsa sull’altro lato, consultare [Avvio di corse scaglionate alla pagina 83](#).

Se si analizzano i dati nel cloud, l’analisi secondaria inizia automaticamente in BaseSpace Sequence Hub o ICA. Se si analizzano i dati a livello locale, l’analisi integrata nello strumento inizia automaticamente e i file di output vengono memorizzati nella cartella di output selezionata.

Prima di avviare una corsa, assicurarsi di disporre dello spazio necessario sul disco rigido. I requisiti di conservazione sono influenzati dal numero di cicli di sequenziamento, dalle dimensioni dei campioni, dalla configurazione dell’analisi secondaria e dal tipo di compressione. NovaSeq X Series può memorizzare almeno 2 celle a flusso del valore di 25B di dati per qualsiasi configurazione di analisi secondaria. Per le configurazioni di analisi secondaria che generano quantità minori di dati (ad esempio, DRAGEN BCL Convert o DRAGEN Enrichment), il sistema di sequenziamento potrebbe essere in grado di memorizzare 4 celle a flusso del valore di 25B di dati.

Se lo spazio di archiviazione non è sufficiente per avviare una corsa, viene visualizzato un messaggio di errore che richiede di liberare spazio. Consultare [Come liberare spazio su disco rigido alla pagina 96](#) per ulteriori informazioni.

Per un esempio di output dei dati per ciascun tipo di cella a flusso, consultare [Output dei dati e archiviazione alla pagina 93](#).

Avvio di una corsa pianificata

Se si utilizza BaseSpace Sequence Hub o ICA, assicurarsi di aver configurato le impostazioni cloud. Per ulteriori informazioni, consultare [Configurazione di Cloud Settings \(Impostazioni cloud\) e Illumina Proactive Support \(Supporto proattivo\) alla pagina 50](#).

1. Se non si è effettuato l’accesso, seguire le istruzioni riportate in [Accesso e disconnessione alla pagina 84](#).
2. Andare alla schermata Start (Avvia), quindi selezionare **Start** (Avvia).
3. Selezionare **Sequencing** (Sequenziamento).

4. Su NovaSeq X Plus, selezionare un lato dello strumento per una corsa su un solo lato o selezionare entrambi i lati per una corsa su due lati.

i | Se è in svolgimento una corsa unilaterale, il lato inattivo dello strumento visualizza la successiva ora disponibile per un avvio scaglionato. Consultare [Avvio di corse scaglionate alla pagina 83](#) per ulteriori informazioni.
5. Selezionare una corsa dall'elenco delle corse pianificate.
Per una corsa su due lati su NovaSeq X Plus, selezionare una corsa per ciascun lato.
6. Selezionare **Review** (Revisiona), quindi revisionare le informazioni sulla corsa.
7. Per utilizzare primer personalizzati, selezionare le caselle di spunta **Custom primer** (Primer personalizzato) appropriate.
Per ulteriori informazioni sui primer personalizzati, consultare [Primer personalizzati alla pagina 61](#).
8. Se lo strumento è collegato al cloud, confermare l'impostazione della corsa sul cloud.
9. Confermare la cartella di output.
Per le corse con archiviazione sul cloud abilitata, sono disponibili le seguenti opzioni:
 - Per trasferire i dati della corsa in una cartella di archiviazione locale oltre al cloud, fornire una cartella di output.
 - Per trasferire solo i dati della corsa al cloud, selezionare **Don't transfer run data to external output folder** (Non trasferire i dati della corsa alla cartella di output esterna).
Per modificare la cartella di output predefinita, consultare [Impostazione della posizione predefinita della cartella di output alla pagina 53](#).
10. Se si esegue un'analisi secondaria locale, confermare l'impostazione di trasferimento della cartella dati BCL.
Per aggiornare la selezione di gestione dei dati della corsa predefinita, consultare [Personalizzazione delle impostazioni del sistema alla pagina 59](#).
11. **[Opzionale]** Selezionare un file delle ricette personalizzate.
12. Al termine della revisione delle informazioni della corsa, selezionare **Load consumables** (Carica materiali di consumo).

Importazione di un foglio campioni

1. Se non si è effettuato l'accesso, seguire le istruzioni riportate in [Accesso e disconnessione alla pagina 84](#).
2. Andare alla schermata Start (Avvia), quindi selezionare **Start** (Avvia).
3. Selezionare **Sequencing** (Sequenziamento).
4. Su NovaSeq X Plus, selezionare un lato dello strumento per una corsa su un solo lato o selezionare entrambi i lati per una corsa su due lati.

i | Se è in svolgimento una corsa unilaterale, il lato inattivo dello strumento visualizza la successiva ora disponibile per un avvio scaglionato. Consultare [Avvio di corse scaglionate alla pagina 83](#) per ulteriori informazioni.

5. Nella parte superiore dell'elenco delle corse, selezionare **Import sample sheet** (Importa foglio campioni).

Per modificare l'impostazione predefinita della corsa, fare riferimento a [Personalizzazione delle impostazioni del sistema alla pagina 59](#).

6. Selezionare **Select file** (Seleziona file), quindi aprire il file v2 del foglio campioni.

i | Il foglio campioni selezionato deve essere in formato v2. Per maggiori informazioni sulla formattazione e sui requisiti del foglio campioni in formato v2, consultare la [pagina di supporto Impostazioni del foglio campioni in formato v2](#).

7. Selezionare **Review** (Revisiona), quindi revisionare le informazioni sulla corsa.

8. Per utilizzare primer personalizzati, selezionare le caselle di spunta **Custom primer** (Primer personalizzato) appropriate.

Per ulteriori informazioni sui primer personalizzati, consultare [Primer personalizzati alla pagina 61](#).

9. Se lo strumento è collegato al cloud, confermare l'impostazione della corsa sul cloud.

10. Confermare la cartella di output.

Per le corse con archiviazione sul cloud abilitata, sono disponibili le seguenti opzioni:

- Per trasferire i dati della corsa in una cartella di archiviazione locale oltre al cloud, fornire una cartella di output.
- Per trasferire solo i dati della corsa al cloud, selezionare **Don't transfer run data to external output folder** (Non trasferire i dati della corsa alla cartella di output esterna).

Per modificare la cartella di output predefinita, consultare [Impostazione della posizione predefinita della cartella di output alla pagina 53](#).

11. Se si esegue un'analisi secondaria locale, confermare l'impostazione di trasferimento della cartella dati BCL.

Per aggiornare la selezione di gestione dei dati della corsa predefinita, consultare [Personalizzazione delle impostazioni del sistema alla pagina 59](#).

12. **[Opzionale]** Selezionare un file delle ricette personalizzate.

Se si utilizza Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus Kit Illumina o Stranded mRNA Prep Kit Illumina, è richiesta la selezione della ricetta personalizzata. Per ulteriori informazioni, consultare [Sequenziamento con cicli "dark" alla pagina 116](#).

13. Al termine, selezionare **Load consumables** (Carica materiali di consumo).

Avvio di una corsa manuale

1. Se non si è effettuato l'accesso, seguire le istruzioni riportate in [Accesso e disconnessione alla pagina 84](#).

2. Andare alla schermata Start (Avvia), quindi selezionare **Start** (Avvia).

3. Selezionare **Sequencing** (Sequenziamento).
4. Su NovaSeq X Plus, selezionare un lato dello strumento per una corsa su un solo lato o selezionare entrambi i lati per una corsa su due lati.

i | Se è in svolgimento una corsa unilaterale, il lato inattivo dello strumento visualizza la successiva ora disponibile per un avvio scaglionato. Consultare [Avvio di corse scaglionate alla pagina 83](#) per ulteriori informazioni.
5. Nella parte superiore dell'elenco delle corse, selezionare **Manual** (Manuale).
Per modificare l'impostazione predefinita della corsa, fare riferimento a [Personalizzazione delle impostazioni del sistema alla pagina 59](#).
6. Immettere un nome per la corsa.
Il nome della corsa può contenere un massimo di 225 caratteri alfanumerici, spazi, trattini e trattini bassi.
7. Selezionare singola o paired-end per il tipo di lettura.
8. Immettere il numero di cicli effettuati per ciascuna lettura e la lunghezza di ciascuna lettura dell'indice.
Il numero totale di cicli di lettura e di cicli dell'indice non può superare il numero di cicli specificato dal kit dei reagenti.
 - **Read 1** (Lettura 1): immettere il numero di cicli per Read 1 (Lettura 1).
 - **Index 1** (Indice 1): immettere la lunghezza della lettura dell'indice per Index 1 (Indice 1). Per una corsa non indicizzata solo con PhiX, immettere 0 in entrambi i campi dell'indice.
 - **Index 2** (Indice 2): immettere la lunghezza della lettura dell'indice per Index 2 (Indice 2).
 - **Read 2** (Lettura 2): immettere il numero di cicli per Read 2 (Lettura 2). Questo valore è di solito uguale al valore per Read 1 (Lettura 1).
9. **[Opzionale]** Selezionare il foglio campioni.

i | Il foglio campioni selezionato deve essere in formato v2. Per maggiori informazioni sulla formattazione e sui requisiti del foglio campioni in formato v2, consultare la [pagina di supporto Impostazioni del foglio campioni in formato v2](#).
10. Selezionare **Review** (Revisiona), quindi revisionare le informazioni sulla corsa.
11. Per utilizzare primer personalizzati, selezionare le caselle di spunta **Custom primer** (Primer personalizzato) appropriate.
Per ulteriori informazioni sui primer personalizzati, consultare [Primer personalizzati alla pagina 61](#).
12. Se lo strumento è collegato al cloud, confermare l'impostazione della corsa sul cloud.
13. Confermare la cartella di output.
Per le corse con archiviazione sul cloud abilitata, sono disponibili le seguenti opzioni:
 - Per trasferire i dati della corsa in una cartella di archiviazione locale oltre al cloud, fornire una cartella di output.

- Per trasferire solo i dati della corsa al cloud, selezionare **Don't transfer run data to external output folder** (Non trasferire i dati della corsa alla cartella di output esterna).

Per modificare la cartella di output predefinita, consultare [Impostazione della posizione predefinita della cartella di output alla pagina 53](#).

14. Se si esegue un'analisi secondaria locale, confermare l'impostazione di trasferimento della cartella dati BCL.

Per aggiornare la selezione di gestione dei dati della corsa predefinita, consultare [Personalizzazione delle impostazioni del sistema alla pagina 59](#).

15. **[Opzionale]** Selezionare un file delle ricette personalizzate.

Se si utilizza Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus Kit Illumina o Stranded mRNA Prep Kit Illumina, è richiesta la selezione della ricetta personalizzata. Per ulteriori informazioni, consultare [Sequenziamento con cicli "dark" alla pagina 116](#).

16. Al termine, selezionare **Load consumables** (Carica materiali di consumo).

Caricamento dei materiali di consumo

Su NovaSeq X, è disponibile solo il lato A per caricare i materiali di consumo. Su NovaSeq X Plus, sono disponibili entrambi i lati. Per le corse unilaterali su NovaSeq X Plus, il lato dello strumento non selezionato ha lo stato Idle (Inattivo) e non è modificabile.

Caricamento della cella a flusso

1. Assicurarsi che la cella a flusso abbia raggiunto la temperatura ambiente prima di caricarla.
2. Nella schermata di caricamento dei materiali di consumo, selezionare **Load flow cells** (Carica celle a flusso).

Il monitor del display si solleva e lo sportello della cella a flusso si apre. La luce della cella a flusso indica che il sequenziamento sul lato dello strumento è in corso.

Attendere che il piano portacelle si sia esteso completamente prima di procedere.

3. Rimuovere e smaltire la cella a flusso usata in conformità con gli standard vigenti nella propria regione.

La cella a flusso non è riciclabile.

4. Pulire il piano portacelle come segue.

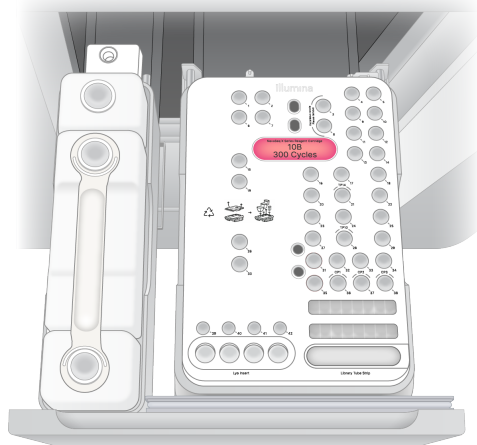
- a. Inumidire una salvietta termosaldada in polinit con alcol isopropilico (70%).
- b. Pulire delicatamente la superficie del piano portacelle. Pulire solo in senso longitudinale. A meno che non si trovino contaminanti sui collettori, evitare di toccarli.
- c. Ripetere i passaggi [a](#) e [b](#) fino a rendere le superfici prive di ogni contaminante.
- d. Asciugare con una nuova salvietta termosaldada in polinit o con un lato inutilizzato della salvietta usata prima, per evitare contaminazioni.

5. Indossare un nuovo paio di guanti privi di polvere per evitare di contaminare la superficie in vetro della cella a flusso.
 6. Con la confezione in alluminio della cella di flusso appoggiata su una superficie piana, aprire la pellicola partendo dalla linguetta dell'angolo.
 7. Rimuovere la cella a flusso dalla confezione. Afferrare la cella a flusso dai lati evitando di toccare il vetro o le guarnizioni nella parte inferiore.
 8. Pulire la cella a flusso come segue.
 - a. Inumidire una salvietta termosaldada in polinit con alcol isopropilico (70%).
 - b. Pulire delicatamente la superficie della cella a flusso. Pulire solo in senso longitudinale.
 - c. Ripetere i passaggi **a** e **b** fino a rendere le superfici prive di ogni contaminante.
 - d. Asciugare con una nuova salvietta termosaldada in polinit o con un lato inutilizzato della salvietta usata prima, per evitare contaminazioni.
-  La mancata pulizia adeguata della cella a flusso e del piano portacelle può causare la presenza di regioni con un numero inferiore di cluster che superano il filtro o punteggi di qualità inferiori.
9. Eliminare la confezione in base alle procedure di smaltimento.
 10. Posizionare la cella a flusso nel piano portacelle in modo che la superficie superiore sia rivolta verso l'alto.
 11. Dopo aver caricato le celle a flusso, selezionare **Close flow cell door** (Chiudi sportello cella a flusso).
Dopo 1 minuto, NovaSeq X Series visualizza le informazioni provenienti dalla cella a flusso scansionata.
 12. Una volta confermata la cella a flusso, caricare le cartucce di reagenti e di tamponi. Consultare [Caricamento delle cartucce di reagenti e di tamponi alla pagina 77](#).

Caricamento delle cartucce di reagenti e di tamponi

1. Assicurarsi che la cartuccia di reagenti sia stata precedentemente scongelata e che l'inserito Lyo e la striscia di provette della libreria siano inseriti nella cartuccia prima del caricamento.
2. Nella schermata di caricamento dei materiali di consumo, selezionare **Load reagents and buffers** (Carica reagenti e tamponi).
Gli sportelli dello strumento si sbloccano automaticamente e il sistema visualizza informazioni sul caricamento delle cartucce di reagenti e di tamponi.
3. Rimuovere le cartucce di reagenti usate. Consultare [Riciclo dei materiali di consumo usati alla pagina 84](#) per istruzioni sul riciclo delle cartucce di reagenti e tamponi.
4. Ispezionare i sigilli della cartuccia di tamponi per rilevare eventuali perdite.
5. Caricare le cartucce come segue.
 - Posizionare la cartuccia di tamponi nella posizione a sinistra.

- Posizionare la cartuccia di reagenti nella posizione corretta in modo che l'etichetta Illumina sia rivolta verso di sé.



6. Svuotare i flaconi dei reagenti usati. Per ulteriori informazioni, consultare [Svuotamento dei flaconi di reagenti usati alla pagina 78](#).
7. Dopo aver terminato lo svuotamento dei flaconi dei reagenti usati, selezionare **Confirm** (Conferma).
8. Chiudere i cassettei dei reagenti e dei reagenti usati, quindi chiudere gli sportelli dello strumento. Dopo 1 minuto, NovaSeq X Series visualizza le informazioni provenienti dalla cella a flusso scansionata.
9. Dopo aver caricato tutti i materiali di consumo, selezionare **Verify** (Verifica).
10. Rivedere i dettagli della corsa, quindi selezionare **Start Run** (Avvia corsa).
Dopo aver avviato una corsa, gli sportelli dello strumento si bloccano automaticamente.

Svuotamento dei flaconi di reagenti usati

Attenersi alle seguenti istruzioni per svuotare i flaconi dei reagenti usati prima di ogni corsa di sequenziamento e lavaggio di manutenzione. Il contenitore dei rifiuti esterno opzionale raccoglie i reagenti tampone usati, che altrimenti verrebbero indirizzati al flacone dei reagenti usati grande. Se il contenitore dei rifiuti esterno è installato, è comunque necessario svuotare il contenuto del flacone dei reagenti piccolo.

Per informazioni sul riciclo della cartuccia di reagenti e dei flaconi di tampone usati, consultare [Riciclo dei materiali di consumo usati alla pagina 84](#).

! Questo set di reagenti contiene materiali chimici potenzialmente pericolosi. L'inalazione, l'ingestione, il contatto con la pelle o con gli occhi possono causare lesioni personali. La manipolazione di materiali pericolosi nei reagenti deve avvenire in presenza di una ventilazione appropriata. Per evitare i rischi di esposizione, indossare l'attrezzatura protettiva idonea, tra cui protezione per gli occhi, guanti e camice da laboratorio. Manipolare i reagenti usati come rifiuti chimici e smaltirli in base alle leggi e alle regolamentazioni pertinenti a livello regionale, nazionale e locale. Per ulteriori informazioni su ambiente, salute e sicurezza, consultare le schede dati di sicurezza (Safety Data Sheet, SDS) alla pagina web support.illumina.com/sds.html.

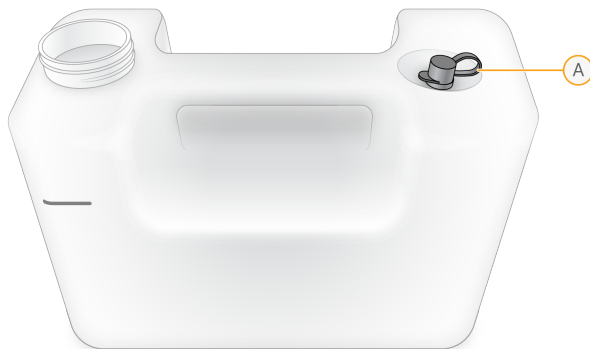
Flacone piccolo vuoto usato

1. Rimuovere il flacone piccolo di reagente usato dal retro del cassetto dei reagenti usati. Afferrare il flacone da entrambi i lati.
2. Rimuovere il tappo filettato dal supporto dietro i flaconi di reagente usati.
3. Sigillare l'apertura del flacone con il tappo per impedire le fuoriuscite durante il transito.
4. Mantenendo il contenuto separato dal contenuto del flacone grande, smaltire in base agli standard vigenti nella propria regione.
5. Rimettere il flacone senza tappo nel cassetto dei reagenti usati. Conservare il tappo sul relativo supporto.



Flacone grande vuoto usato

1. Utilizzare la maniglia superiore per rimuovere il flacone grande dei reagenti usati dalla parte anteriore del cassetto dei reagenti usati.
2. Rimuovere il tappo filettato dal supporto dietro i flaconi dei reagenti usati da smaltire.
3. Sigillare l'apertura del flacone con il tappo per impedire le fuoriuscite durante il transito.
4. Togliere il tappo dalla valvola di sfiato (A).
L'apertura della valvola di sfiato aiuta a ridurre al minimo le fuoriuscite lungo i lati del flacone.



5. Rimuovere il tappo dall'apertura del flacone.
6. Smaltire il contenuto dall'apertura del flacone in conformità alle normative vigenti nella propria regione. Tenere saldamente entrambe le maniglie durante lo svuotamento.
7. Sigillare la valvola di sfiato con il tappo una volta che il flacone è vuoto.
8. Rimettere nel cassetto degli scarti il flacone senza tappo con la valvola di sfiato chiusa. Conservare il tappo filettato sul relativo supporto.



9. Indossare un nuovo paio di guanti privi di polvere.

Verifiche pre-corsa

Le verifiche pre-corsa includono verifiche del sistema software, verifiche dello strumento, verifiche dell'allineamento e verifiche della fluidica.

1. Il completamento delle verifiche pre-corsa impiega circa 35 minuti.
Dopo le verifiche pre-corsa, la corsa viene avviata automaticamente.
2. Per interrompere le verifiche pre-corsa, selezionare **Cancel** (Annulla), quindi **Yes, cancel checks** (Sì, annulla le verifiche) per confermare.
 La cella a flusso e la cartuccia di tamponi non possono essere riutilizzate dopo l'avvio della verifica della fluidica.
3. Se si presenta un errore, selezionare **Retry** (Riprova) per ripetere la verifica.
Gli errori che non possono essere ritentati non visualizzano un'opzione di nuovo tentativo.
4. In caso di errore della fluidica, contattare l'Assistenza Tecnica Illumina. Non è possibile ritentare le verifiche della fluidica.

Monitoraggio del progresso della corsa

È possibile monitorare il progresso della corsa, annullare una corsa o avviare una nuova corsa nella schermata Sequencing (Sequenziamento). È possibile monitorare il progresso della corsa sullo

strumento o utilizzando un computer in rete. Se il monitoraggio della corsa da cloud è abilitato, è possibile visualizzare il progresso della corsa in BaseSpace Sequence Hub. Per visualizzare ulteriori dettagli e lo stato della corsa, consultare [Gestione delle corse alla pagina 17](#).

Per visualizzare metriche e visualizzazioni aggiuntive, è possibile utilizzare Sequencing Analysis Viewer (SAV). Per ulteriori informazioni su SAV, consultare la [pagina del sito di supporto di Sequencing Analysis Viewer](#).

Se, in qualsiasi momento, la corsa viene annullata, viene eseguito automaticamente un lavaggio post-corsa. Se un lavaggio post-corsa non riesce o non viene eseguito a causa di un errore, eseguire un lavaggio di manutenzione prima di iniziare una nuova corsa di sequenziamento. Per le istruzioni, consultare [Esecuzione di un lavaggio di manutenzione alla pagina 102](#).

1. Monitorare lo stato della corsa nella schermata Sequencing (Sequenziamento) o nella scheda Active (In corso) nella schermata Runs (Corse).
La schermata Sequencing (Sequenziamento) riporta il tempo stimato per il completamento della corsa, calcolato sulla base delle 10 corse precedenti.
La scheda Active (In corso) nella schermata Runs (Corse) include l'ora di avvio del processo e ulteriori informazioni sullo stato della corsa. Lo stato indica quali delle seguenti attività sono in corso:
 - Sequenziamento
 - Trasferimento dei dati di sequenziamento all'unità di archiviazione esterna
 - Trasferimento di un file esterno
 - Analisi secondaria
 - Trasferimento dei dati dell'analisi secondaria all'unità di archiviazione esterna
2. Monitorare le seguenti metriche nella schermata Sequencing (Sequenziamento) o Runs (Corse).
 - **% ≥ Q30**: la percentuale delle identificazioni delle basi con un punteggio qualitativo ≥ 30.
 - **Yield (Resa)**: il numero di identificazioni delle basi previsto per la corsa.
 - **Total reads PF** (PF totale letture): il numero di letture paired-end (se pertinente) che attraversano il filtro (in milioni).
3. Per esaminare dettagli aggiuntivi della corsa, selezionare il nome della corsa nella schermata Sequencing (Sequenziamento) o nella scheda Active (In corso) nella schermata Runs (Corse).
4. Al termine della corsa, è possibile visualizzare ulteriori risultati della corsa. Selezionare il nome della corsa nella schermata Sequencing (Sequenziamento) o nella scheda Completed (Completate) della schermata Runs (Corse).
5. Lasciare i materiali di consumo nello strumento. Non rimuoverli fino a quando non viene richiesto durante la configurazione della corsa successiva.

Avvio di corse scaglionate

A intervalli specifici durante una corsa su un solo lato, è possibile impostare e avviare una corsa sul lato inattivo di NovaSeq X Series. Il sistema visualizza l'ora di avvio successiva disponibile per il lato inattivo, che rimane bloccato salvo in caso di esplicita richiesta di avvio. Se le informazioni di avvio scaglionato non sono disponibili, la funzione non è compatibile con la ricetta in uso. Se è richiesto un lavaggio di manutenzione sul lato inattivo dello strumento, non è possibile richiedere un avvio scaglionato.

Dopo avere richiesto un avvio scaglionato, il software mette automaticamente in pausa la corsa in svolgimento per consentire l'impostazione di una nuova corsa. Il lato in pausa viene messo in stato di sicurezza e riprende automaticamente.

i | All'avvio di una corsa scaglionata, il tempo di completamento stimato della corsa precedentemente in svolgimento può cambiare. Assicurarsi di verificare le stime temporali più recenti.

La tabella seguente mostra la prima ora approssimativa in cui è disponibile la funzione di avvio scaglionato per una corsa in svolgimento. Ulteriori punti di pausa sono disponibili alla fine di ogni ciclo.

Tipo di cella a flusso	Durata (ore)
1,5B (600 cicli)	~8
25B	~6,5
10B, 5B, 1,5B (100, 200 o 300 cicli)	~6

! | Se si annulla l'impostazione della corsa dopo una pausa o se la pausa scade dopo 30 minuti senza che sia stata avviata l'impostazione della corsa, è possibile richiedere di nuovo un avvio scaglionato. Sospendere una corsa più volte può tuttavia influire negativamente sulla qualità dei dati della corsa stessa.

Per dare inizio a un avvio scaglionato, procedere come segue.

1. Dalla schermata Sequencing (Sequenziamento), selezionare **Request** (Richiesta) sul lato inattivo. Quando la corsa in svolgimento è in pausa, l'opzione di avvio di una nuova corsa compare sul lato precedentemente bloccato.
2. Selezionare **Start** (Avvia).
3. Impostare una corsa di sequenziamento. Per le istruzioni, consultare [Avvio di una corsa di sequenziamento alla pagina 72](#).

Al termine dell'operazione di impostazione della corsa e dei controlli pre-corsa, la nuova corsa si avvia e la corsa in pausa riprende.

! | Evitare ritardi durante l'impostazione della corsa. La sospensione di una corsa per un periodo prolungato può influire negativamente sulla qualità dei dati della corsa stessa.

Accesso e disconnessione

Si viene automaticamente disconnessi dal software di controllo dopo 30 minuti di inattività o dopo il tempo di disconnessione impostato. Attenersi alle seguenti istruzioni per accedere e disconnettersi manualmente.

Accedere

Dopo aver effettuato la disconnessione, fare clic su un punto qualsiasi per accedere. A seconda della configurazione dello strumento, le credenziali di accesso possono variare.

- Se non si è connessi al cloud, accedere con il nome utente e la password del proprio account locale.
- Se si è connessi al cloud, accedere con il proprio nome utente e la propria password per BaseSpace Sequence Hub, quindi selezionare il proprio gruppo di lavoro. È possibile selezionare solo le corse pianificate create dagli utenti nel gruppo di lavoro selezionato. In alternativa, è possibile selezionare **Sign in to local instrument** (Accedi allo strumento locale) e accedere utilizzando il proprio account locale.
- Se si accede per la prima volta, immettere la password temporanea creata dall'amministratore. Una volta effettuato correttamente l'accesso, viene richiesto di creare una nuova password.

A livello di sistema, può accedere solo un utente alla volta, ma è possibile scegliere un utente per ciascun lato per selezionare una corsa.

Disconnettersi

Attenersi alle seguenti istruzioni per disconnettersi prima che si verifichi la disconnessione automatica.

È possibile regolare il tempo di disconnessione predefinito nella schermata Password policy (Criteri password) in Settings (Impostazioni). Per le istruzioni, consultare [Modifica delle impostazioni delle password alla pagina 49](#).

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Profile** (Profilo), quindi selezionare **Sign out** (Disconnetti).
Dopo la disconnessione, il software di controllo chiude il menu Profile (Profilo) e torna alla schermata Sequencing (Sequenziamento).

Riciclo dei materiali di consumo usati

Attenersi alle seguenti istruzioni per riciclare il tampone di precaricamento, il tampone di primer personalizzato, la cartuccia di reagenti, la striscia (a otto) provette della libreria, l'inserito Lyo e la cartuccia di tamponi. La cella a flusso non è riciclabile.

Riciclaggio dei tamponi

Attenersi alle seguenti istruzioni per riciclare il tampone di precaricamento, il tampone di primer personalizzato e la cartuccia di tamponi.

Riciclaggio del tampone di precaricamento e di primer personalizzato

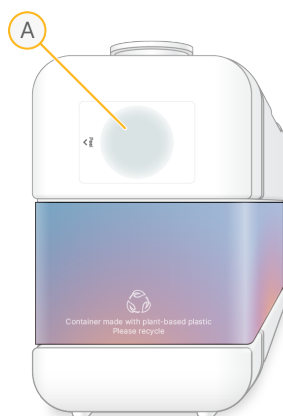
Le provette di tampone di precaricamento e di primer personalizzato sono realizzate in plastica di polipropilene (PP). I tappi del tampone di precaricamento e di primer personalizzato sono realizzati in plastica di polietilene ad alta densità (HDPE).

1. Risciacquare le provette del tampone di precaricamento e di primer personalizzato.
2. Riciclare le provette e i tappi in conformità agli standard vigenti nella propria regione.

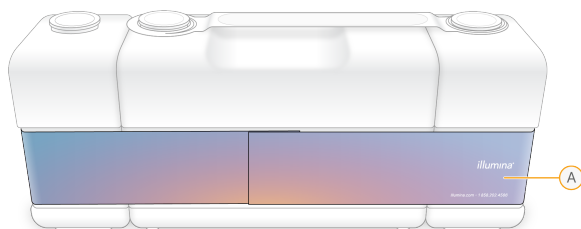
Riciclaggio della cartuccia di tamponi

I flaconi e l'impugnatura della cartuccia di tamponi sono realizzati in plastica di polietilene ad alta densità (HDPE). Per riciclare la cartuccia di tamponi, attenersi alle seguenti istruzioni.

1. Rimuovere la cartuccia di tamponi dallo strumento.
2. Rimuovere i sigilli, quindi smaltirli.
3. Svuotare la cartuccia di tamponi in base agli standard vigenti nella propria regione.
4. Rimuovere l'etichetta dell'RFID (A) e l'RFID, quindi smaltirli.



5. Posizionare la cartuccia di tamponi su una superficie piana, quindi rimuovere la fascetta di ritenzione (A) per separare i tre flaconi di tampone.



6. Risciacquare i flaconi di tampone e poi riciclarli in conformità agli standard vigenti nella propria regione.

Riciclaggio della cartuccia di reagenti

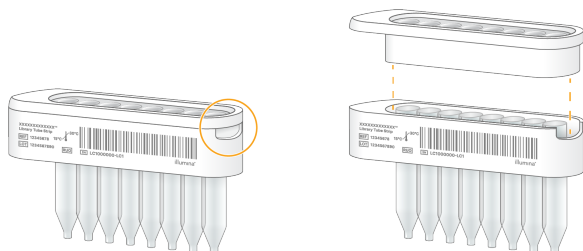
Dopo aver rimosso la cartuccia di reagenti dallo strumento, eseguire i seguenti passaggi per riciclare la striscia (a otto) provette della libreria, l'inserto Lyo e la cartuccia di reagenti. I pozzetti nelle posizioni n. 3 e n. 8 contengono formammide. Rimuovere questi pozzetti dalla cartuccia di reagenti e smaltirli separatamente.

⚠ | Questo set di reagenti contiene materiali chimici potenzialmente pericolosi. L'inalazione, l'ingestione, il contatto con la pelle o con gli occhi possono causare lesioni personali. La manipolazione di materiali pericolosi nei reagenti deve avvenire in presenza di una ventilazione appropriata. Per evitare i rischi di esposizione, indossare l'attrezzatura protettiva idonea, tra cui protezione per gli occhi, guanti e camice da laboratorio. Manipolare i reagenti usati come rifiuti chimici e smaltirli in base alle leggi e alle regolamentazioni pertinenti a livello regionale, nazionale e locale. Per ulteriori informazioni su ambiente, salute e sicurezza, consultare le schede dati di sicurezza (Safety Data Sheet, SDS) alla pagina web support.illumina.com/sds.html.

Riciclaggio della striscia (a otto) provette della libreria e dell'adattatore

La striscia (a otto) provette della libreria è realizzata in plastica di polipropilene (PP). L'adattatore per striscia (a otto) provette della libreria è realizzato in polietilene ad alta densità (HDPE).

1. Separare la striscia (a otto) provette della libreria dalla cartuccia di reagenti spingendo la striscia verso l'alto.
2. Rimuovere il tappo della striscia (a otto) provette della libreria, quindi smaltirlo.



3. Rimuovere l'etichetta RFID (A) e l'RFID situati sotto la striscia (a otto) provette della libreria, quindi smaltirli.

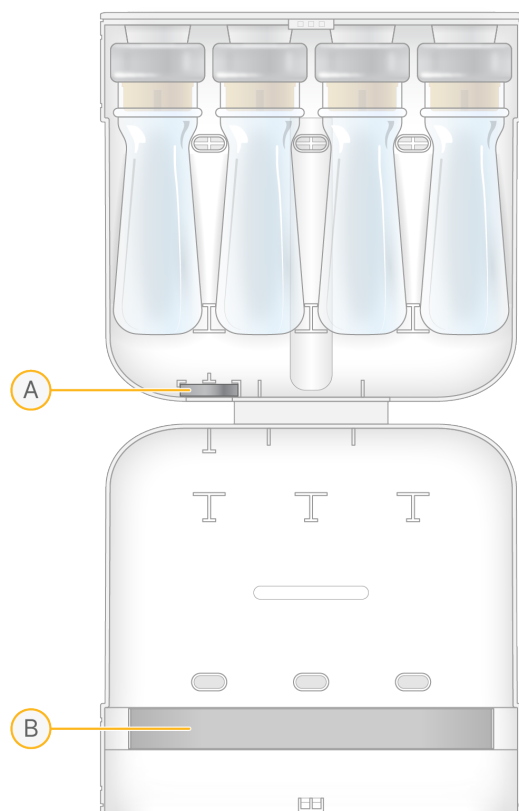


4. Risciacquare la striscia (a otto) provette della libreria e riciclarla in conformità agli standard vigenti nella propria regione.
5. Riciclare l'adattatore della striscia (a otto) provette della libreria in conformità agli standard vigenti nella propria regione.

Riciclaggio dell'inserto Lyo

Il coperchio dell'inserto Lyo è realizzato in plastica di polipropilene (PP). I flaconi di reagente liofilizzato non sono riciclabili.

1. Separare l'inserto Lyo dalla cartuccia di reagenti premendo sull'etichetta dell'inserto e spingendolo verso l'alto.
2. Rimuovere l'etichetta sulla parte superiore dell'inserto Lyo, quindi smaltirla.
3. Per aprire il coperchio dell'inserto Lyo, premere i suoi lati.
4. Rimuovere e smaltire i flaconi di reagente liofilizzato in conformità agli standard vigenti nella propria regione.
5. Rimuovere e smaltire l'RFID e la striscia di polistirolo.



A. RFID

B. Striscia di polistirolo

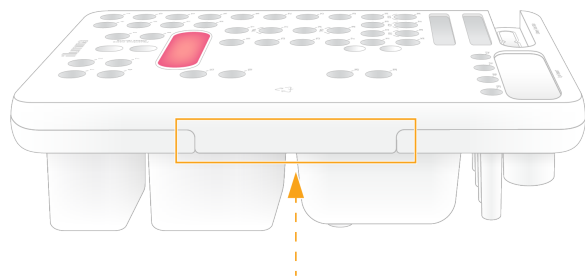
6. Riciclare il coperchio dell'inserto Lyo in conformità agli standard vigenti nella propria regione.

Riciclaggio dei componenti dei reagenti

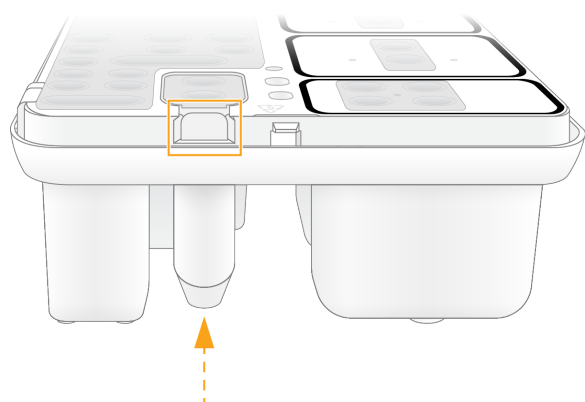
È possibile separare i pozzetti in posizione n. 3, n. 8 e SBS dalla cartuccia di reagenti prima di riciclarli. Il coperchio della cartuccia di reagenti, la cartuccia di reagenti smontata e i pozzetti in posizione n. 3, n. 8 e SBS n. 3 sono realizzati in plastica di polipropilene (PP). I pozzetti SBS n. 1 e n. 2 sono realizzati in plastica di polietilene tereftalato (PET).

1. Rimuovere il coperchio della cartuccia di reagenti tirando verso l'esterno le linguette sui lati del coperchio e quindi sollevandolo verso l'alto.

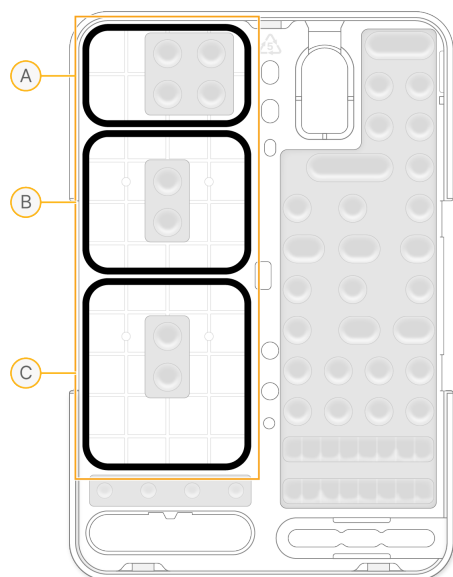
Il suono di un "clic" indica che il coperchio della cartuccia di reagenti è scollegato.



2. Per staccare i pozzetti in posizione n. 3 e n. 8 dalla cartuccia di reagenti, premere la linguetta, quindi spingere il pozzetto verso l'alto.

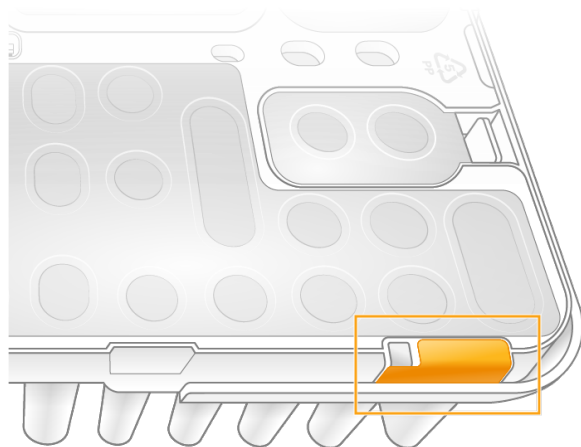


3. Riciclare i pozzetti in posizione n. 3 e n. 8 in conformità agli standard vigenti nella propria regione.
4. Per separare i tre pozzetti SBS dalla cartuccia di reagenti, premere i lati dei pozzetti e spingere il pozzetto verso l'alto.



- A. Pozzetto SBS n. 1: plastica di polietilene tereftalato (PET)
- B. Pozzetto SBS n. 2: plastica di polietilene tereftalato (PET)
- C. Pozzetto SBS n. 3: plastica di polipropilene (PP)

5. Riciclare i pozzetti SBS in conformità agli standard vigenti nella propria regione.
6. Rimuovere tutti i sigilli, l'etichetta dell'RFID e l'RFID, quindi smaltirli.



7. Risciacquare la cartuccia di reagenti smontata e il coperchio, quindi riciclare in conformità agli standard vigenti nella propria regione.

Output del sequenziamento

Dopo aver avviato una corsa di sequenziamento, Real-Time Analysis inizia automaticamente. È possibile visualizzare le metriche RTA4 nella schermata Sequencing (Sequenziamento) o Runs (Corse). Per visualizzare i risultati del sequenziamento e dell'analisi secondaria, selezionare il nome della corsa nella scheda Completed (Completate) della schermata Runs (Corse). I risultati della corsa includono metriche di sequenziamento dettagliate, metriche di analisi secondarie e report dell'applicazione DRAGEN a livello di campione e corsa.

È inoltre possibile trovare i file di output nella posizione della cartella di output predefinita specificata.

Real-Time Analysis

NovaSeq X Series utilizza RTA4, un'implementazione del software Real-Time Analysis, sul Compute Engine (CE) dello strumento. RTA4 estrae le intensità dalle immagini ricevute dalla fotocamera, esegue l'identificazione delle basi, assegna un punteggio di qualità all'identificazione delle basi, si allinea a PhiX e riporta i dati in file InterOp per la visualizzazione in Software di controllo NovaSeq X Series.

Per ottimizzare il tempo di elaborazione, RTA4 archivia le informazioni in memoria. Se RTA4 viene terminato, l'elaborazione non riprende e tutti i dati della corsa elaborata archiviati in memoria vengono persi.

Input RTA4

RTA4 richiede immagini di tile contenute nella memoria locale del sistema per l'elaborazione. RTA4 riceve informazioni e comandi di esecuzione dal software di controllo.

Output RTA4

Le immagini per ciascun canale colore sono passate in memoria a RTA4 come tile. In base a queste immagini, RTA4 produce output sotto forma di un set di file di identificazione delle basi qualitativamente valutate e di file filtro. Tutti gli altri output sono file di output di supporto.

Tipo di file	Descrizione
File di identificazione delle basi	Ciascuna tile analizzata viene inclusa in un file di identificazione delle basi concatenato (*.cbcl). Le tile appartenenti alla stessa corsia e superficie sono aggregate in un file *.cbcl per ciascuna corsia e superficie.
File filtro	Ciascuna tile produce un file filtro (*.filter) che specifica se un cluster ha attraversato il filtro.

Tipo di file	Descrizione
File di posizione dei cluster	I file posizione cluster (*.locs) contengono le coordinate X, Y per ciascun cluster in una tile. Viene generato un file posizione cluster per ciascuna corsa.
File InterOp	File di report binari utilizzati per Sequencing Analysis Viewer. I file InterOp vengono aggiornati durante tutta la corsa.

I file di output sono utilizzati per l'analisi a valle.

Punteggi qualitativi

Un punteggio qualitativo (Q-score) è una previsione della probabilità di un'identificazione delle basi errata. Un punteggio qualitativo più alto implica che un'identificazione delle basi ha una qualità superiore ed è più probabile che sia corretta. Dopo la determinazione del punteggio qualitativo, i risultati sono registrati nei file per l'identificazione delle basi (*.cbcl).

Il punteggio qualitativo fornisce in modo succinto le probabilità di piccoli errori. I punteggi qualitativi sono rappresentati come $Q(X)$, dove X è il punteggio. La tabella seguente illustra la relazione tra un punteggio qualitativo e la probabilità di errore.

Punteggio qualitativo $Q(X)$	Probabilità di errore
Q40	0,0001 (1 su 10.000)
Q30	0,001 (1 su 1.000)
Q20	0,01 (1 su 100)
Q10	0,1 (1 su 10)

Punteggio qualitativo e report

Il punteggio qualitativo calcola un set valori per ciascuna identificazione delle basi, quindi utilizza questi valori per individuare il punteggio qualitativo in una tabella qualitativa. Le tabelle qualitative sono create per fornire previsioni di qualità accurate e ottimali per le corse generate da una specifica configurazione di una piattaforma di sequenziamento e versione della chimica.

i | Il punteggio qualitativo si basa su una versione modificata dell'algoritmo Phred.

Per generare la tabella Q per NovaSeq X Series, vengono identificati tre gruppi di identificazioni delle basi, in base ai cluster di queste specifiche caratteristiche predittive. Dopo il raggruppamento delle identificazioni delle basi, la percentuale di errore media è stata calcolata empiricamente per ognuno di questi tre gruppi e i corrispondenti punteggi qualitativi sono stati registrati nella tabella Q assieme alle caratteristiche predittive relative a quel gruppo. In questo modo, con RTA4 sono possibili solo tre punteggi qualitativi che rappresentano la percentuale media di errore del gruppo. Nel complesso, ciò genera un punteggio qualitativo semplificato, ma estremamente accurato. I tre gruppi nella tabella di

qualità corrispondono a identificazioni delle basi marginali (<Q18), medie (Q18-Q29) e di alta qualità (>Q29). Ai gruppi vengono assegnati rispettivamente punteggi specifici, come 9, 24 e 41. Inoltre, un punteggio pari a 0 viene assegnato a ogni identificazione non rilevata scritta sui file BCL. Dopo che i file BCL sono stati convertiti nel formato FASTQ, alle identificazioni non rilevate viene assegnato un punteggio di 2. Questo modello per riportare i punteggi qualitativi riduce lo spazio di archiviazione e i requisiti di ampiezza di banda, senza incidere sull'accuratezza o sulle prestazioni.

File di output del sequenziamento

Tipo di file	Descrizione, posizione e nome dei file
File di identificazione delle basi	Ciascun cluster analizzato viene incluso in un file delle identificazioni delle basi, aggregato in un file per ciclo, corsia e superficie. Il file aggregato contiene l'identificazione delle basi e il punteggio qualitativo codificato per ogni cluster. Data\Intensities\BaseCalls\L001\C1.1 L[lane]_[surface].cbcl, ad esempio L001_1.cbcl
File di posizione dei cluster	Per ciascuna cella a flusso, un file binario della posizione dei cluster contiene le coordinate XY per i cluster in una tile. Un layout esagonale che corrisponde al layout dei nanopozzetti della cella a flusso predefinisce le coordinate. Data\Intensities s_[lane].locs
File filtro	I file filtro specificano se un cluster ha attraversato i filtri. I file filtro sono generati al ciclo 26 utilizzando 25 cicli di dati. Per ogni tile, viene generato un file filtro. Data\Intensities\BaseCalls\L001 s_[lane]_[tile].filter
File di informazioni sulla corsa	Indica il nome della corsa, informazioni sul numero di cicli in ciascuna lettura, l'indicazione se la lettura è un Index Read (Lettura indice) e il numero di strisce e tile sulla cella a flusso. Il file di informazioni sulla corsa viene creato all'inizio della corsa. [Root folder], RunInfo.xml

Struttura della cartella di output

Per impostazione predefinita, NovaSeq X Series genera i file di output nella cartella di output selezionata nelle impostazioni di archiviazione esterna.

Ad alto livello, gli output sono organizzati nella seguente struttura:

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

 **Analysis (file di analisi secondaria)**

 **Data (file BCL di analisi primaria)**

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

Il file manifest contiene un checksum di integrità dei dati per i file copiati nella cartella di output. Il checksum è generato da un controllo di ridondanza ciclica a 32 bit (CRC-32).

Oltre a generare file specifici per ciascuna applicazione, DRAGEN fornisce le metriche dell'analisi sia per singolo campione sia in report aggregati. A seconda delle modalità di funzionamento, nell'output potrebbero essere inclusi ulteriori file di metriche. Per ulteriori informazioni sui diversi livelli dei report, consultare [Report di analisi secondaria di NovaSeq X Series alla pagina 94](#).

Per ulteriori informazioni sui file di output dell'analisi secondaria e sulle metriche di DRAGEN, consultare la [pagina del sito di supporto di Illumina DRAGEN Bio-IT Platform](#).

Output dei dati e archiviazione

Le tabelle seguenti forniscono esempi di dati di archiviazione. Poiché l'effettiva conservazione dei dati è soggetta alle politiche locali, confermare le condizioni presenti prima di calcolare le esigenze di archiviazione. Per ulteriori informazioni, consultare le note di rilascio di DRAGEN su NovaSeq X Series disponibili nella [pagina di supporto di NovaSeq X Series](#).

 | Le dimensioni della corsa e altri dettagli variano in base a diversi fattori. I numeri forniti sono da intendersi come una guida all'intervallo relativo dello spazio occupato dai dati.

Tabella 7 Output dei dati per celle a flusso doppie

Funzioni	Tipo di file	Cella a flusso 25B (TB)	Cella a flusso 10B (TB)	Cella a flusso 5B (TB)	Cella a flusso 1,5B (TB)
Real-Time	BCL	11,1	4,2	2,1	0,6
Analysis	Interop	0,03	0,01	0,01	0,01

Funzioni	Tipo di file	Cella a flusso 25B (TB)	Cella a flusso 10B (TB)	Cella a flusso 5B (TB)	Cella a flusso 1,5B (TB)
FASTQ	GZIP	14,5	5,8	2,9	0,9
	ORA	2,9	1,2	0,6	0,2
Mappa/Allinea	BAM	12,7	5,1	2,6	0,8
	CRAM	4,9	2,0	1,0	0,3
Identificazione delle varianti	GVCF+VCF	1,1	0,4	0,2	0,1

Tabella 8 Output dei dati per celle a flusso singole

Funzioni	Tipo di file	Cella a flusso 25B (TB)	Cella a flusso 10B (TB)	Cella a flusso 5B (TB)	Cella a flusso 1,5B (TB)
Real-Time Analysis	BCL	5,2	2,1	1,1	0,3
	Interop	0,01	0,01	0,01	0,01
FASTQ	GZIP	7,2	2,9	1,5	0,4
	ORA	1,4	0,6	0,3	0,1
Mappa/Allinea	BAM	6,3	2,5	1,3	0,4
	CRAM	2,5	1,0	0,5	0,1
Identificazione delle varianti	GVCF+VCF	0,5	0,2	0,1	0,0

Report di analisi secondaria di NovaSeq X Series

Dalla schermata Sequencing completa (Sequenziamento completo) selezionare il nome della corsa per visualizzarne i risultati. Andare in fondo alla schermata Run details (Dettagli corsa), quindi selezionare **View DRAGEN report** (Visualizza report DRAGEN) per visualizzare i risultati dell'analisi secondaria. In alternativa, usare il menu globale per accedere alla schermata Runs (Corse) e selezionare una corsa completata.

È possibile visualizzare i risultati dei report di DRAGEN ai seguenti livelli:

- **Run (Corsa):** il riepilogo della corsa si collega ai report del flusso di lavoro, incluso un report demultiplex, e fornisce una panoramica delle seguenti informazioni:
 - Numero versione
 - Numero di campioni totali
 - Numero di campioni completati
 - Numero di errori

- **Workflow** (Flusso di lavoro): i report sul flusso di lavoro aggregano i dati per tutti i campioni inclusi in quell'applicazione DRAGEN e si collegano ai singoli report sui campioni.
- **Sample** (Campione): i report sui campioni includono metriche dettagliate per Read 1 (Lettura 1) e Read 2 (Lettura 2) di un singolo campione.

Le metriche disponibili a livello di flusso di lavoro e di campione variano a seconda del report.

Consultare il report nello strumento per le definizioni delle metriche.

Manutenzione

Questa sezione contiene le procedure necessarie per la manutenzione di NovaSeq X Series.

Come liberare spazio su disco rigido

Se lo spazio di archiviazione dei dati è insufficiente, durante i controlli pre-corsa viene visualizzata una notifica di avviso. È possibile controllare lo spazio disponibile e lo spazio occupato da corse o risorse. Utilizzare la seguente procedura per liberare spazio eliminando le corse completate e le risorse installate da una cartella della corsa dello strumento.

Eliminazione di una corsa

Utilizzare solo il Software di controllo NovaSeq X Series per eliminare le corse. Evitare di eliminare le corse manualmente attraverso il sistema operativo. L'eliminazione manuale delle corse può incidere negativamente sul software di controllo. Non è possibile rimettere in coda una corsa eliminata.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Runs** (Corse).
3. Per la corsa che si desidera eliminare, selezionare l'icona dei puntini di sospensione nella colonna Action (Azione).
4. Selezionare una delle opzioni seguenti.
 - **Delete run data** (Elimina dati della corsa): elimina le cartelle di output di sequenziamento e analisi, ma non rimuove la corsa dalla scheda Completed (Completato). È possibile visualizzare i dettagli della corsa, ma non il report di analisi secondaria DRAGEN.
 - **Delete run** (Elimina corsa): elimina i dati della corsa e rimuove la corsa dalla scheda Completed (Completato).
5. Nella finestra di dialogo, confermare l'eliminazione della corsa.
6. Ripetere i passaggi 3-5 per ogni corsa da eliminare.

Rimozione di risorse

Attenersi alle seguenti istruzioni per rimuovere genomi di riferimento o file di riferimento. Con Software di controllo NovaSeq X Series v1.4 e versioni successive, è possibile rimuovere le risorse anche in Illumina Software Update Manager (ISUM). Consultare [Aggiornamenti del software alla pagina 97](#).

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Resource files** (File di risorse).
3. Selezionare la scheda **Genomes** (Genomi) o **Reference files** (File di riferimento).
4. Per il genoma o il file di riferimento che si desidera rimuovere, selezionare l'icona di eliminazione.

5. Nella finestra di dialogo, selezionare **Yes, remove** (Sì, rimuovi) per confermare.
6. Ripetere i passaggi 4 e 5 per ciascun genoma o file di riferimento da rimuovere.

Aggiornamenti del software

Sebbene tutti gli utenti possano visualizzare il software installato nonché verificare e scaricare gli aggiornamenti, solo gli amministratori possono eseguire gli aggiornamenti del software.

L'aggiornamento del software assicura che il sistema disponga delle ultime caratteristiche e correzioni. Gli aggiornamenti del software sono raggruppati in un pacchetto digitale, che può includere le seguenti risorse:

- System suite installer (SSI):
 - Software di controllo NovaSeq X Series
 - Ricette di NovaSeq X Series
 - Universal Copy Service
 - Real-Time Analysis
 - Illumina Run Manager
- Materiali di consumo
- Patch del sistema operativo
- DRAGEN
- Applicazioni DRAGEN
- File del genoma

Se il sistema ha accesso a Internet, può verificare l'eventuale presenza di aggiornamenti software automaticamente o su richiesta. Se il sistema non ha accesso a Internet, gli installer devono essere scaricati manualmente per consentire l'aggiornamento del software.

i | Se il sistema utilizza Software di controllo NovaSeq X Series v1.3 o precedente, contattare il rappresentante Illumina per eseguire gli aggiornamenti del software. Consultare [Portale sulla sicurezza dei prodotti Illumina](#) per l'eventuale presenza di patch del sistema operativo disponibili.

Aggiornamento del software con accesso a Internet

1. Assicurarsi che le seguenti attività non siano in corso:
 - Corsa di sequenziamento
 - Analisi secondaria
 - Trasferimento di file
 - Installazione di DRAGEN
 - Installazione della licenza di DRAGEN

- Autodiagnosi di DRAGEN
2. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
 3. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Software update** (Aggiornamento software).
Si visualizzeranno le versioni del software in uso.
 4. A seconda della configurazione del sistema, verificare gli aggiornamenti disponibili:
 - se il sistema è configurato per verificare automaticamente gli aggiornamenti del software, al caricare la pagina comparirà il numero di aggiornamenti disponibili;
 - se il sistema non è configurato per la verifica automatica degli aggiornamenti del software, selezionare **Check for updates** (Verifica gli aggiornamenti).
 5. Selezionare **View updates** (Visualizza aggiornamenti).
 6. Selezionare la casella di controllo per qualsiasi aggiornamento che si sceglie di installare, inclusi software, applicazioni, genomi o file di riferimento.

 Per evitare errori di spazio su disco durante l'installazione, selezionare solo i genomi rilevanti per le applicazioni e i flussi di lavoro DRAGEN. Fare riferimento a DRAGEN sulle note di rilascio di NovaSeq X Series disponibili nella [pagina del sito di supporto di NovaSeq X Series](#).
 7. Selezionare **Next** (Avanti).
Compare un elenco degli aggiornamenti selezionati da ricontrollare.
 8. **[Opzionale]** Scaricare gli aggiornamenti e completare l'installazione in un secondo momento seguendo le istruzioni riportate sotto.
 - a. Selezionare la casella di controllo **Download only** (Scarica solo).
L'opzione di download non è disponibile per i genomi a causa dei limiti di dimensione.
 - b. Selezionare **Download** (Scarica).
 - c. Al termine del download, tornare alla schermata di aggiornamento del software.
 - d. Selezionare **View download** (Visualizza download).
Gli aggiornamenti scaricati possono essere visionati ed è possibile procedere con l'installazione.
 9. Selezionare **Install** (Installa).
Una barra di avanzamento indicherà il tempo rimanente approssimativo.
 10. Selezionare **Restart software** (Riavvia software) per completare l'aggiornamento.

Aggiornamento del software senza accesso a Internet

1. Se lo strumento non ha accesso a Internet, scaricare l'installer (*.ipb2) dalla posizione appropriata:
 - per gli installer di pacchetti digitali, scaricarli dalla [pagina del sito di supporto di NovaSeq X Series](#);

- per gli installer che contengono solo file di patch del sistema operativo, scaricare da [Portale sulla sicurezza dei prodotti Illumina](#).

i | Se il formato di file per l'installer è IRES o IAPP, fare riferimento, rispettivamente, alle istruzioni per [Installazione o disinstallazione delle versioni di DRAGEN alla pagina 100](#) o [Gestione delle applicazioni DRAGEN alla pagina 55](#).

2. Salvare l'installer a livello locale o su un'unità di rete.
3. Assicurarsi che le seguenti attività non siano in corso:
 - Corsa di sequenziamento
 - Analisi secondaria
 - Trasferimento di file
 - Installazione di DRAGEN
 - Installazione della licenza di DRAGEN
 - Autodiagnosi di DRAGEN
4. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
5. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Software update** (Aggiornamento software).
Si visualizzeranno le versioni del software in uso.
6. Selezionare **Select folder...** (Seleziona cartella...) per cercare gli aggiornamenti del software.
7. Accedere al file di installazione, quindi selezionare **Select** (Seleziona).
Il sistema verifica l'eventuale presenza di aggiornamenti in quella cartella e visualizza il numero di aggiornamenti disponibili.
8. Selezionare **View updates** (Visualizza aggiornamenti).
9. Selezionare la casella di controllo per qualsiasi aggiornamento che si sceglie di installare, inclusi software, applicazioni, genomi o file di riferimento.

! | Per evitare errori di spazio su disco durante l'installazione, selezionare solo i genomi rilevanti per le applicazioni e i flussi di lavoro DRAGEN. Fare riferimento a DRAGEN sulle note di rilascio di NovaSeq X Series disponibili nella [pagina del sito di supporto di NovaSeq X Series](#).
10. Selezionare **Next** (Avanti).
Compare un elenco degli aggiornamenti selezionati da ricontrollare.
11. **[Opzionale]** Scaricare gli aggiornamenti e completare l'installazione in un secondo momento seguendo le istruzioni riportate sotto.
 - a. Selezionare la casella di controllo **Download only** (Scarica solo).
L'opzione di download non è disponibile per i genomi a causa dei limiti di dimensione.
 - b. Selezionare **Download** (Scarica).
 - c. Al termine del download, tornare alla schermata di aggiornamento del software.

- d. Selezionare **View download** (Visualizza download).

Gli aggiornamenti scaricati possono essere visionati ed è possibile procedere con l'installazione.

12. Selezionare **Install** (Installa).

Una barra di avanzamento indicherà il tempo rimanente approssimativo.

13. Selezionare **Restart software** (Riavvia software) per completare l'aggiornamento.

Disinstallazione del software

Utilizzare le seguenti istruzioni per disinstallare il software o risorse come genomi e file di riferimento.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Software update** (Aggiornamento software).

Si visualizzeranno le versioni del software in uso.

3. Selezionare **Uninstall** (Disinstalla).
4. Selezionare la casella di controllo per eventuali componenti DRAGEN da disinstallare.
5. Selezionare **Next** (Avanti).
6. Selezionare la casella di controllo per eventuali genomi da disinstallare.
7. Selezionare **Next** (Avanti).
8. Selezionare la casella di controllo per eventuali file di riferimento da disinstallare.
9. Selezionare **Next** (Avanti).
Comparirà l'elenco degli aggiornamenti selezionati da ricontrollare.
10. Selezionare **Uninstall** (Disinstalla).
Una barra di avanzamento indicherà il tempo rimanente approssimativo.
11. Selezionare **Close** (Chiudi).

Installazione o disinstallazione delle versioni di DRAGEN

Gli amministratori possono installare o disinstallare più versioni di DRAGEN. Se si disinstalla la versione di DRAGEN più recente, dal sistema di sequenziamento vengono disinstallate tutte le versioni.

Installazione delle versioni di DRAGEN

1. Quando è disponibile una nuova versione di DRAGEN, scaricare il programma di installazione di DRAGEN (*.ires) dalla [pagina di supporto di NovaSeq X Series](#). Salvare l'installer a livello locale o su un'unità di rete.

 | Se il formato di file per l'installer è IPB2, fare riferimento alle istruzioni per [Aggiornamenti del software alla pagina 97](#).

2. Assicurarsi che non siano in esecuzione corse di sequenziamento o analisi secondarie integrate nello strumento.
3. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
4. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **DRAGEN**.
5. Nella scheda Versions (Versioni) selezionare **Install version** (Installa versione).
6. Accedere al programma di installazione, quindi selezionare **Open** (Apri).
7. Selezionare **Install** (Installa).

Un messaggio indica se l'installazione è andata o meno a buon fine.

Disinstallazione di versioni di DRAGEN

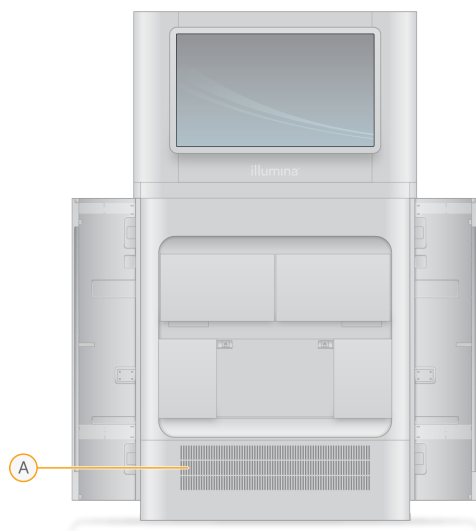
1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **DRAGEN**.
3. Per disinstallare una versione precedente di DRAGEN, procedere come segue.
 - a. Nella scheda Versions (Versioni) selezionare l'icona dei puntini di sospensione nella colonna Actions (Azioni).
 - b. Selezionare **Uninstall** (Disinstalla).
 - c. Selezionare **Yes, uninstall** (Sì, disinstalla).
4. Per disinstallare la versione più recente di DRAGEN, procedere come segue.
 - a. Nella scheda Versions (Versioni) selezionare l'icona dei puntini di sospensione nella colonna Actions (Azioni).
 - b. Selezionare **Uninstall all** (Disinstalla tutto).
 - c. Selezionare **Yes, uninstall all** (Sì, disinstalla tutto).

Sostituzione del filtro dell'aria

Il filtro dell'aria è monouso e copre la ventola nel cassetto inferiore nella parte anteriore dello strumento. Assicura la ventilazione corretta e impedisce l'entrata di detriti nel sistema. Lo strumento viene spedito con un filtro dell'aria e quattro ricambi. Ulteriori ricambi sono inclusi con un valido contratto di manutenzione dello strumento oppure possono essere acquistati separatamente presso Illumina.

Attenersi alle seguenti istruzioni per sostituire un filtro dell'aria scaduto ogni 3 mesi. Dopo aver sostituito il filtro dell'aria, reimpostarne la scadenza.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Unlock doors** (Sblocca sportelli).
3. In NovaSeq X Plus, selezionare entrambi i lati.
Per NovaSeq X, entrambi i lati si sbloccano automaticamente.
4. Selezionare **Unlock doors** (Sblocca sportelli).
Gli sportelli dello strumento si sbloccano ed è possibile accedere al cassetto del filtro dell'aria (A) posizionato nella parte inferiore dello strumento.



5. Tenere premuto il coperchio a scatto sotto il cassetto del filtro dell'aria.
6. Tirare il cassetto del filtro per aprirlo.
7. Rimuovere e smaltire il filtro dell'aria usato.
8. Inserire il nuovo filtro dell'aria in modo che l'etichetta sia rivolta verso di sé.
9. Tenere premuto il coperchio a scatto sotto il cassetto del filtro dell'aria.
10. Chiudere il cassetto del filtro.
11. Nella schermata Unlock doors (Sblocca sportelli), selezionare **Reset filter expiry** (Ripristina scadenza filtro).
12. Assicurarsi che gli sportelli dello strumento siano chiusi, quindi selezionare **Lock doors** (Blocca sportelli).

Manutenzione preventiva

illumina raccomanda di programmare un servizio di manutenzione preventiva ogni anno. Se non si dispone di un contratto di assistenza, contattare il responsabile di zona o l'Assistenza Tecnica illumina per organizzare un servizio di manutenzione preventiva a pagamento.

Esecuzione di un lavaggio di manutenzione

È necessario un lavaggio di manutenzione ogni 14 giorni. È necessario un lavaggio di manutenzione anche dopo un lavaggio post-corsa non andato a buon fine, incompleto o quando un errore critico del sistema interrompe una corsa.

Il lavaggio di manutenzione lava il sistema con diluizioni fornite dall'utente di Tween 20 e NaOCl. Le diluizioni vengono pompate dalle cartucce di lavaggio alla cella a flusso, ai flaconi di reagenti usati e ad ogni serbatoio della cartuccia per lavare tutti i pettini di aspirazione. Il lavaggio dura circa 3 ore.

Un lavaggio di manutenzione richiede una cartuccia di reagente di lavaggio, una cartuccia di tampone usata e una cella a flusso di lavaggio o una cella a flusso di sequenziamento a 8 corsie usata che non è stata rimossa dal sistema. Non è possibile eseguire un lavaggio di manutenzione con Cella a flusso NovaSeq X Series 1,5B a 2 corsie.

Quando non è in uso, conservare la cella a flusso di lavaggio a temperatura ambiente nella sua confezione originale, compresi il vassoio di plastica e la busta. Smaltire la cella a flusso di lavaggio dopo 20 utilizzi o dopo la data di scadenza riportata sulla confezione, a seconda di quale evento si verifichi prima.

Preparazione della soluzione di lavaggio e di NaOCl

1. Dispensare 400 ml di acqua da laboratorio in un flacone per centrifuga da 500 ml.
2. Aggiungere 200 µl di Tween 20 al 100% o un volume analogo di una soluzione Tween diluita. Ad esempio, 1 ml di Tween 20 al 20% in acqua da laboratorio.
Utilizzare una diluizione di Tween 20 appena preparata per limitare l'introduzione di contaminanti nel sistema di fluidica.
3. Capovolgere per miscelare.
4. Combinare i volumi seguenti in una provetta per centrifuga da 50 ml per preparare 49 ml di NaOCl di grado reagente allo 0,12%:
 - Acqua deionizzata (48 ml)
 - NaOCl di grado reagente al 5% (1,2 ml)

 Utilizzare solo NaOCl di grado reagente. Evitare prodotti con candeggina per uso generico, in quanto possono contenere composti di ammoniaca che potrebbero causare corse con una bassa percentuale di letture che superano il filtro.

5. Capovolgere per miscelare.

Caricamento dei materiali di consumo per il lavaggio

Per caricare sullo strumento i materiali di consumo per il lavaggio di manutenzione, attenersi alle seguenti istruzioni.

Avvio di un lavaggio di manutenzione

1. Per avviare un lavaggio di manutenzione, selezionare **Start** (Avvio), quindi selezionare **Wash** (Lavaggio).
2. Su NovaSeq X Plus, selezionare un lato dello strumento per un lavaggio su un solo lato o selezionare entrambi i lati per un lavaggio su due lati.
Se è necessario un lavaggio di manutenzione su uno o entrambi i lati, il lato o i lati vengono selezionati per impostazione predefinita.
3. Passare a [Caricamento delle celle a flusso di lavaggio alla pagina 104](#).

Caricamento delle celle a flusso di lavaggio

Eseguire un lavaggio di manutenzione con una cella a flusso di sequenziamento a 8 corsie usata già caricata sullo strumento e che non è stata rimossa o una cella a flusso di lavaggio appena caricata. Se si sta eseguendo un lavaggio di manutenzione dopo che un errore critico del sistema ha interrotto una corsa, utilizzare una cella a flusso di lavaggio appena caricata.

Se si esegue un lavaggio di manutenzione con la cella a flusso di sequenziamento usata nella precedente corsa di sequenziamento, la cella a flusso sarà già caricata sullo strumento. Passare a [Caricamento della cartuccia di reagenti di lavaggio alla pagina 105](#).

Per utilizzare una cella a flusso di lavaggio appena caricata, procedere come segue.

1. Nella schermata Maintenance wash (Lavaggio di manutenzione), selezionare la casella di spunta **Load wash flow cell** (Carica cella a flusso di lavaggio) per sostituire la cella a flusso di sequenziamento usata con una cella a flusso di lavaggio.
2. Selezionare **Load wash flow cell** (Carica cella a flusso di lavaggio).
Dopo la selezione, il monitor del display si solleva e lo sportello della cella a flusso si apre. La spia della cella a flusso indica il lato dello strumento su cui viene eseguito il lavaggio.
3. Pulire il piano portacelle come segue.
 - a. Inumidire una salvietta termosaldada in polinit con alcol isopropilico (70%).
 - b. Pulire delicatamente la superficie del piano portacelle. Pulire solo in senso longitudinale. A meno che non si trovino contaminanti sui collettori, evitare di toccarli.
 - c. Ripetere i passaggi **a** e **b** fino a rendere le superfici prive di ogni contaminante.
 - d. Asciugare con una nuova salvietta termosaldada in polinit o con un lato inutilizzato della salvietta usata prima, per evitare contaminazioni.
4. Indossare un nuovo paio di guanti privi di polvere per evitare di contaminare la superficie in vetro della cella a flusso.
5. Con la confezione in alluminio della cella di flusso di lavaggio appoggiata su una superficie piana, aprire la pellicola partendo dalla linguetta dell'angolo.
6. Rimuovere la cella a flusso di lavaggio dalla confezione. Afferrare la cella a flusso di lavaggio dai lati evitando di toccare il vetro o le guarnizioni nella parte inferiore.
7. Pulire la cella a flusso di lavaggio come segue.
 - a. Inumidire una salvietta termosaldada in polinit con alcol isopropilico (70%).
 - b. Pulire delicatamente la superficie della cella a flusso. Pulire solo in senso longitudinale.
 - c. Ripetere i passaggi **a** e **b** fino a rendere le superfici prive di ogni contaminante.
 - d. Asciugare con una nuova salvietta termosaldada in polinit o con un lato inutilizzato della salvietta usata prima, per evitare contaminazioni.
8. Eliminare la confezione in base alle procedure di smaltimento.

9. Posizionare la cella a flusso di lavaggio nel piano portacelle in modo che la superficie superiore sia rivolta verso l'alto.
10. Dopo aver caricato le celle a flusso, selezionare **Close flow cell door** (Chiudi sportello cella a flusso).
Il software di controllo visualizza le informazioni dalla cella a flusso scansionata dopo 1 minuto.
11. Passare a [Caricamento della cartuccia di reagenti di lavaggio alla pagina 105](#).

Caricamento della cartuccia di reagenti di lavaggio

Per caricare la cartuccia di reagenti di lavaggio sullo strumento, attenersi alle seguenti istruzioni. Non è necessario sostituire la cartuccia di tamponi per eseguire un lavaggio di manutenzione. Assicurarsi di pulire e riporre correttamente la cartuccia del reagente di lavaggio per il riutilizzo. La cartuccia del reagente di lavaggio può anche resistere alla sterilizzazione in autoclave come metodo di pulizia.

1. Sciacquare due volte la cartuccia del reagente di lavaggio con acqua di laboratorio, poi asciugare il lato inferiore della cartuccia con una salvietta di carta.
Non asciugare l'interno dei pozzetti della cartuccia. L'asciugatura dei pozzetti di lavaggio delle cartucce di reagenti può influire sul processo di lavaggio.
2. Aggiungere 380 ml di soluzione di lavaggio al pozzetto della soluzione di lavaggio sulla cartuccia di reagenti.
3. Aggiungere 49 ml di NaOCl di grado reagente allo 0,12% al pozzetto di sbiancamento sulla cartuccia di reagenti di lavaggio.
4. Nella schermata Wash (Lavaggio), selezionare **Load wash cartridges** (Carica cartucce di lavaggio). Gli sportelli dello strumento si sbloccano automaticamente e il sistema visualizza informazioni sul caricamento delle cartucce del reagente di lavaggio e di tampone.
5. Rimuovere la cartuccia di reagenti di sequenziamento usata. Consultare [Riciclo dei materiali di consumo usati alla pagina 84](#) per istruzioni sul riciclo delle cartucce di reagenti.
6. Caricare la cartuccia di reagente di lavaggio nella posizione corretta in modo che l'etichetta Illumina sia rivolta verso di sé.
7. Chiudere i cassettei dei reagenti e gli sportelli dello strumento.
8. Selezionare **Verify wash reagents** (Verifica reagenti di lavaggio).
9. Svuotare i flaconi dei reagenti usati. Per ulteriori informazioni, consultare [Svuotamento dei flaconi di reagenti usati alla pagina 78](#).
10. Dopo aver caricato tutti i materiali di consumo, selezionare **Start wash** (Avvia lavaggio).
Dopo aver avviato il lavaggio, gli sportelli dello strumento si bloccano automaticamente. Al termine del lavaggio, gli sportelli si sbloccano e viene visualizzata la schermata Start (Avvio).
11. Per poter utilizzare più volte la cartuccia del reagente di lavaggio, sciacquarla due volte con acqua di laboratorio e conservarla capovolta.

Svuotamento dei flaconi di reagenti usati

Attenersi alle seguenti istruzioni per svuotare i flaconi dei reagenti usati prima di ogni corsa di sequenziamento e lavaggio di manutenzione. Il contenitore dei rifiuti esterno opzionale raccoglie i reagenti tampone usati, che altrimenti verrebbero indirizzati al flacone dei reagenti usati grande. Se il contenitore dei rifiuti esterno è installato, è comunque necessario svuotare il contenuto del flacone dei reagenti piccolo.

Per informazioni sul riciclo della cartuccia di reagenti e dei flaconi di tampone usati, consultare [Riciclo dei materiali di consumo usati alla pagina 84](#).

⚠ | Questo set di reagenti contiene materiali chimici potenzialmente pericolosi. L'inalazione, l'ingestione, il contatto con la pelle o con gli occhi possono causare lesioni personali. La manipolazione di materiali pericolosi nei reagenti deve avvenire in presenza di una ventilazione appropriata. Per evitare i rischi di esposizione, indossare l'attrezzatura protettiva idonea, tra cui protezione per gli occhi, guanti e camice da laboratorio. Manipolare i reagenti usati come rifiuti chimici e smaltirli in base alle leggi e alle regolamentazioni pertinenti a livello regionale, nazionale e locale. Per ulteriori informazioni su ambiente, salute e sicurezza, consultare le schede dati di sicurezza (Safety Data Sheet, SDS) alla pagina web support.illumina.com/sds.html.

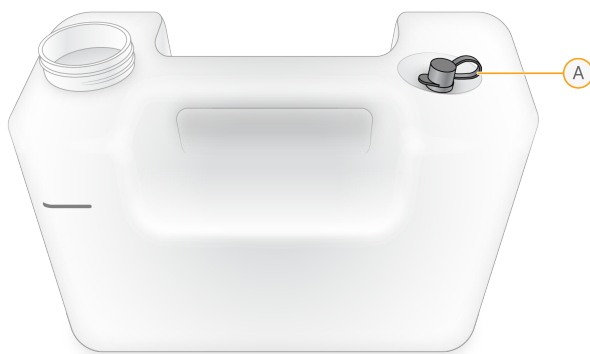
Flacone piccolo vuoto usato

1. Rimuovere il flacone piccolo di reagente usato dal retro del cassetto dei reagenti usati. Afferrare il flacone da entrambi i lati.
2. Rimuovere il tappo filettato dal supporto dietro i flaconi di reagente usati.
3. Sigillare l'apertura del flacone con il tappo per impedire le fuoriuscite durante il transito.
4. Mantenendo il contenuto separato dal contenuto del flacone grande, smaltire in base agli standard vigenti nella propria regione.
5. Rimettere il flacone senza tappo nel cassetto dei reagenti usati. Conservare il tappo sul relativo supporto.



Flacone grande vuoto usato

1. Utilizzare la maniglia superiore per rimuovere il flacone grande dei reagenti usati dalla parte anteriore del cassetto dei reagenti usati.
2. Rimuovere il tappo filettato dal supporto dietro i flaconi dei reagenti usati da smaltire.
3. Sigillare l'apertura del flacone con il tappo per impedire le fuoriuscite durante il transito.
4. Togliere il tappo dalla valvola di sfiato (A).
L'apertura della valvola di sfiato aiuta a ridurre al minimo le fuoriuscite lungo i lati del flacone.



5. Rimuovere il tappo dall'apertura del flacone.
6. Smaltire il contenuto dall'apertura del flacone in conformità alle normative vigenti nella propria regione. Tenere saldamente entrambe le maniglie durante lo svuotamento.

7. Sigillare la valvola di sfiato con il tappo una volta che il flacone è vuoto.
8. Rimettere nel cassetto degli scarti il flacone senza tappo con la valvola di sfiato chiusa. Conservare il tappo filettato sul relativo supporto.



9. Indossare un nuovo paio di guanti privi di polvere.

Risoluzione dei problemi

Questa sezione descrive le istruzioni passo-passo per annullare una corsa, spegnere lo strumento e riavviare lo strumento, svolgendo una verifica del sistema e altre procedure di risoluzione dei problemi. Per ulteriori informazioni su questioni specifiche di risoluzione dei problemi, consultare gli [articoli sulla risoluzione dei problemi di NovaSeq X Series](#) su Illumina Knowledge.

Terminazione di una corsa

È possibile terminare una corsa di sequenziamento sullo strumento. La terminazione di una corsa su NovaSeq X Series è definitiva. Il software non può riprendere la corsa o salvare i dati del sequenziamento e i materiali di consumo non possono essere riutilizzati.

1. Andare alla schermata Sequencing (Sequenziamento).
2. Selezionare **Cancel run** (Annulla corsa) per terminare la corsa.
A seconda dello stato attuale della corsa, potrebbero essere disponibili opzioni aggiuntive per annullare il caricamento dei dati nella posizione dell'unità di archiviazione o annullare l'analisi.
3. Selezionare **Yes, cancel run** (Sì, annulla la corsa) per confermare la terminazione della corsa.
Al termine della corsa, la corsa viene visualizzata nella scheda Completed (Completato) con lo stato Canceled (Annullato).

Rimettere in coda l'analisi secondaria

Durante l'analisi secondaria, è possibile rimettere in coda la corsa per eseguire nuovamente l'analisi DRAGEN sullo strumento. Non è possibile rimetterla in coda se è in esecuzione una corsa di sequenziamento o se i dati della corsa sono stati rimossi dallo strumento. Per informazioni su come rimettere in coda l'analisi secondaria per un'analisi pianificata in BaseSpace Sequence Hub, consultare la [pagina di supporto di BaseSpace Sequence Hub](#).

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Runs** (Corse), quindi passare alla scheda Completed (Completato).
3. Selezionare la corsa da rimettere in coda.
4. In Analisi secondaria, selezionare **Requeue analysis** (Rimetti in coda analisi).
5. Se l'analisi da rimettere in coda è per una corsa locale, selezionare una delle seguenti opzioni di rimessa in coda:
 - **Requeue analysis from this run** (Rimetti in coda analisi da questa corsa): eseguire la nuova corsa utilizzando i file generati nella corsa selezionata. È possibile selezionare una cartella in cui inviare i file di analisi rimessi in coda.

- **Requeue analysis from a sample sheet** (Rimetti in coda analisi da un foglio campioni): eseguire la rimessa in coda caricando un foglio campioni. La rimessa in coda utilizza le configurazioni di analisi specificate nel foglio campioni.

Per rimettere in coda una corsa locale con 12 cicli dell'indice, è necessario rimettere in coda l'analisi da un foglio campioni.

6. Se l'analisi da rimettere in coda è per una corsa manuale, selezionare **Requeue analysis from sample sheet** (Rimetti in coda analisi dal foglio campioni) e caricare un foglio campioni.
7. **[Opzionale]** Selezionare la casella di spunta **Skip sample sheet validation** (Salta convalida del foglio campioni).
Per saltare la convalida, il foglio campioni deve essere formattato correttamente.
8. Immettere un percorso del file dei dati di sequenziamento.
Questo percorso determina la posizione di archiviazione esterna per la corsa di rimessa in coda dell'analisi.
9. Inserire una descrizione per la rimessa in coda nel campo Reason (Motivo).
10. Al termine, selezionare **Requeue analysis** (Rimetti in coda analisi).
11. Eseguire una delle seguenti azioni:
 - Per escludere una configurazione dalla rimessa in coda selezionare **Delete** (Elimina) accanto al nome della configurazione.
 - Per modificare le informazioni di configurazione, selezionare **Edit** (Modifica) accanto al nome della configurazione.
 - Per includere configurazioni aggiuntive, selezionare **Add configuration** (Aggiungi configurazione).
12. Al termine, selezionare **Requeue analysis** (Rimetti in coda analisi).

Riavvio trasferimento file

Affinché questa funzione sia disponibile, è necessario che il trasferimento dei file sia stato avviato. Se il trasferimento è stato completato, utilizzare il riavvio del trasferimento file per copiare i file in una posizione di output diversa.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Runs** (Corse), quindi passare alla scheda Completed (Completato).
3. Selezionare la corsa con il trasferimento file da riavviare.
4. Nei dettagli della corsa, selezionare **Show more** (Mostra altro).
5. Selezionare **Restart file transfer** (Riavvia trasferimento file).
6. Selezionare i file di dati da trasferire.
7. Selezionare una posizione della cartella di output della copia.
8. Selezionare **Restart** (Riavvia).

Spegnimento o riavvio dello strumento

È possibile spegnere o riavviare lo strumento in modo sicuro quando non sono attive corse di sequenziamento o analisi secondarie. I messaggi software indicano quando spegnere e riavviare lo strumento per risolvere un errore o un avviso. Se il sistema non si spegne, contattare l'Assistenza Tecnica Illumina.

Spegnimento dello strumento

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
 2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Shut down** (Spegni).
 3. Quando richiesto, selezionare **Yes, shut down instrument** (Sì, spegnere lo strumento).
-  Per evitare il danneggiamento del dispositivo CE, non utilizzare l'interruttore a levetta ubicato nella parte posteriore dello strumento se non indicato dall'Assistenza Tecnica Illumina.
4. Dopo aver spento lo strumento, attendere circa 15 minuti prima di avviarlo con il pulsante di accensione. Quando il pulsante di accensione lampeggia, premerlo.

Riavviare lo strumento

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi **Restart instrument** (Riavvia strumento).
3. Quando richiesto, selezionare **Yes, restart** (Sì, riavvia).
Il riavvio dello strumento richiede circa 45 minuti.
4. Una volta completato il riavvio e caricato il sistema operativo, accedere al sistema.

Arresto prolungato

Se lo strumento viene spento per 14 giorni o più, prepararsi per un arresto prolungato come segue.

1. Al termine del lavaggio post-corsa, non rimuovere i materiali di consumo per il sequenziamento, compresa la cella a flusso usata e la cartuccia dei reagenti.
2. Rimuovere e smaltire gli scarti. Per le istruzioni, consultare [Svuotamento dei flaconi di reagenti usati alla pagina 78](#).
3. **[Opzionale]** Spegnere lo strumento. Per le istruzioni, consultare [Spegnimento dello strumento alla pagina 111](#).
4. Prima di ripetere il sequenziamento, assicurarsi di eseguire un lavaggio di manutenzione. Per istruzioni, consultare [Esecuzione di un lavaggio di manutenzione alla pagina 102](#).

Esecuzione delle verifiche del sistema

Le verifiche del sistema non sono necessarie per il normale funzionamento o per la manutenzione dello strumento. Tuttavia, un rappresentante dell'Assistenza Tecnica Illumina potrebbe richiedere di eseguire una verifica del sistema per la risoluzione dei problemi. I test confermano il corretto allineamento e funzionamento dei componenti.

Quando si selezionano uno o più controlli da eseguire, viene fornito un tempo stimato per il completamento. Questo tempo si aggiorna man mano che i controlli vengono completati. I risultati del test si trovano nella cartella `system-checks` che si trova in `/usr/local/illumina/system-checks`.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **System checks** (Controlli di sistema).
3. Selezionare la casella di spunta per i controlli di sistema che si desidera eseguire.
 - **Fluidics side A** (Fluidica lato A): controlla le prestazioni del sistema di erogazione della fluidica sul lato A.
 - **Fluidics side B** (Fluidica lato B): controlla le prestazioni del sistema di erogazione della fluidica sul lato B.
 - **Precision motion** (Movimento di precisione): verifica i limiti di spostamento e le prestazioni del piano Z e del piano XY.
 - **RBA movement** (Movimento RBA): verifica la funzionalità del meccanismo RBA.

Per i controlli della fluidica e del movimento RBA sono necessari materiali di consumo per il lavaggio.
4. Se si esegue un controllo della fluidica, preparare la cartuccia di tamponi usata come segue.
 - a. Svuotare la cartuccia di tamponi in base agli standard vigenti nella propria regione.
 - b. Sciacquare il pozzetto centrale della cartuccia di tamponi con acqua da laboratorio.

 Il risciacquo della cartuccia di tamponi impedisce danni al sensore utilizzato durante il controllo della fluidica.
 - c. Riempire il pozzetto centrale a metà con acqua da laboratorio.
5. Se necessario, caricare i materiali di consumo per il lavaggio come segue.
 - a. Selezionare **Load consumables** (Carica materiali di consumo).
 - b. Assicurarsi di utilizzare i seguenti materiali di consumo per il lavaggio:
 - una cella a flusso di lavaggio o una cella a flusso di sequenziamento a 8 corsie usata che non è stata rimossa dallo strumento dopo la corsa precedente
 - una cartuccia di lavaggio vuota
 - **[solo movimento RBA]** cartuccia di tamponi vuota
 - **[fluidica]** cartuccia di tamponi preparata

Se si eseguono controlli dei sistemi sia per il movimento RBA che per la fluidica, utilizzare una cartuccia di tamponi preparata.

Per ulteriori informazioni sul caricamento dei materiali di consumo per il lavaggio, consultare [Caricamento dei materiali di consumo per il lavaggio alla pagina 103](#).

- c. Selezionare **Back to checks** (Torna ai controlli).
6. Selezionare **Start checks** (Avvia controlli).

Esecuzione di un'autodiagnosi di DRAGEN

È possibile eseguire un'autodiagnosi per identificare se si verificano errori di analisi provocati da uno o più chip FPGA DRAGEN.

Non è possibile eseguire un'autodiagnosi se si sta eseguendo un'analisi.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **DRAGEN**.
3. Nella scheda Versions (Versioni) selezionare l'icona dei puntini di sospensione nella colonna Actions (Azioni) per una versione di DRAGEN specifica.
4. Selezionare **Run self test** (Esegui autodiagnosi).

Il completamento dell'autodiagnosi richiede almeno 45 minuti. Al termine dell'autodiagnosi, un messaggio indica se la versione ha superato il test o meno.

5. Se l'autodiagnosi ha esito negativo, selezionare l'icona dei puntini di sospensione nella colonna Actions (Azioni), quindi **Show self test log** (Mostra registro autodiagnosi) per controllare le informazioni del registro.

Installazione della licenza di DRAGEN

La licenza di DRAGEN è preinstallata sullo strumento. Non è necessario installare la licenza DRAGEN a meno che non sia necessaria la risoluzione di errori di licenza.

Solo gli amministratori possono reinstallare la licenza DRAGEN.

Installazione della licenza DRAGEN online

Se NovaSeq X Series è connesso a Internet, è possibile installare le licenze DRAGEN direttamente nel Software di controllo NovaSeq X Series.

1. Nel software di controllo, selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **DRAGEN**.
3. Nella scheda License (Licenza), selezionare **Update from license server** (Aggiorna dal server licenze).

La licenza aggiornata viene recuperata dal server di aggiornamento delle licenze.

4. Dopo aver installato la nuova licenza, eseguire un autotest. Consultare [Esecuzione di un'autodiagnosi di DRAGEN alla pagina 113](#).

Installazione della licenza di DRAGEN offline

1. Se il file della licenza è danneggiato, contattare l'Assistenza Tecnica Illumina per ottenere una nuova licenza.
2. Nel software di controllo, selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
3. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **DRAGEN**.
4. Nella scheda License (Licenza), selezionare **Update from file** (Aggiorna dal file).
5. Accedere al file della licenza (*.zip), quindi selezionare **Open** (Apri).
6. Dopo aver installato la nuova licenza, eseguire un autotest. Consultare [Esecuzione di un'autodiagnosi di DRAGEN alla pagina 113](#).

Revisione del registro di controllo

Gli amministratori possono esaminare il registro di controllo dello strumento sullo strumento stesso o su un computer collegato in rete. Il registro di controllo registra tutte le azioni che un utente esegue sul sistema.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Audit log** (Registro di controllo).
3. Usare i seguenti filtri per affinare i risultati del registro di controllo.
 - **Date** (Data): consente di filtrare le azioni in base a un intervallo di date selezionando l'icona del calendario o immettendo manualmente le date nei campi From (Da) e To (A) in formato AAAA-MM-GG.
 - **Action type** (Tipo di azione): consente di filtrare le azioni in base al tipo di azione eseguita immettendo l'azione nel campo Type (Tipo).
 - **User** (Utente): consente di filtrare le azioni in base all'utente che ha eseguito l'azione immettendo il nome dell'utente nel campo Who (Chi).
 - **Description** (Descrizione): consente di filtrare le azioni in base a ulteriori dettagli inserendo una descrizione dell'azione nel campo Description (Descrizione).
4. Selezionare **Filter** (Filtro) per applicare i filtri.
5. Per esportare il registro di controllo in un file PDF, selezionare **Export log** (Esporta registro).

Esportazione dei registri

L'Assistenza Tecnica Illumina potrebbe richiedere i file di registro per svolgere le attività di assistenza alla risoluzione dei problemi. Esportare i file di registro come segue.

1. Selezionare l'icona dello strumento per aprire il menu di navigazione globale.
2. Selezionare **Settings** (Impostazioni), quindi selezionare **Export logs** (Esporta registri).
3. Selezionare i file di registro o le corse di sequenziamento da esportare.

I registri standard sono sempre inclusi nell'esportazione.

4. **[Opzionale]** Selezionare **Include image files** (Includi i file immagine) per le corse di sequenziamento selezionate.
5. Selezionare **Next** (Avanti).
6. Selezionare File export location (Posizione esportazione file), quindi selezionare **Export** (Esporta).

Risorse e Bibliografia

Le [pagine del sito di supporto di NovaSeq X Series](#) forniscono risorse aggiuntive. Controllare sempre le pagine di supporto per verificare le ultime versioni disponibili.

Sequenziamento con cicli “dark”

Questa sezione descrive l'utilizzo del sequenziamento con cicli “dark” nella ricetta.

Il sequenziamento con cicli “dark” viene utilizzato per completare solo le fasi chimiche di un ciclo di sequenziamento. Controllare la pagina Compatible Products (Prodotti compatibili) per il proprio kit di preparazione delle librerie nel [sito di supporto di Illumina](#) per sapere se è richiesto il sequenziamento con cicli “dark”.

Utilizzare le seguenti fasi per il sequenziamento con cicli “dark”.

1. Per richiedere il file XML della ricetta appropriato per la modifica, contattare l'assistenza tecnica Illumina.
2. Modificare il file XML della ricetta.
 - a. Andare alla sezione `<ReadDefinitions>` nel file della ricetta, quindi identificare le sezioni `<ReadDefinition Name="Read 1">` e `<ReadDefinition Name="Read 2">`.
 - b. In `<ReadDefinition Name="Read 1">`, aggiungere la seguente fase del ciclo “dark” su una nuova linea prima di `<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read1Imaging"/>` e dopo `<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>`:

```
<ChemistryRef ChemistryName="CompleteCycleReuse"/>.
```
 - c. In `<ReadDefinition Name="Read 2">`, aggiungere la fase del ciclo “dark” su una nuova linea prima di `<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read4Imaging"/>` e dopo `<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>`.
3. Salvare il file XML della ricetta.

Quanto segue è un esempio di ricetta del campione con la fase del ciclo “dark”:

```

...
<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>
...

```

Impostazioni del foglio campioni in formato v2

Per informazioni sull'uso dei file del foglio campioni in formato v2 (*.csv) con strumenti, piattaforme e pipeline di analisi Illumina, consultare la [pagina di supporto Sample Sheet v2 Resource \(Foglio campioni in formato v2\)](#).

Cronologia delle revisioni

Documento	Data	Descrizione della modifica
Documento n. 200027529 v10	Maggio 2026	Aggiunta delle seguenti informazioni: • Avvertenza sul refrigerante infiammabile • Avvertenza sulle impostazioni della password • Istruzioni per l'avvio scaglionato • Istruzioni per il responsabile degli aggiornamenti software • Istruzioni per l'esportazione dei registri • Ulteriori impostazioni dello strumento per la mancata corrispondenza delle provette della libreria, le lunghezze di lettura predefinite delle corse manuali, il rilevamento automatico delle informazioni sugli indici e le impostazioni dei file di output della corsa. • Numeri catalogo per i kit di reagenti NovaSeq X Series 5B (300 cicli, 200 cicli, 100 cicli) • Numero catalogo per i kit di reagenti NovaSeq X Series 1,5B (600 cicli) • Informazioni sulle unità di autocriptazione • Percorso dei file manifest nella struttura della cartella di output • Esempio di output dei dati per ciascun tipo di cella a flusso • Riferimento ai dettagli per la risoluzione dei problemi su Illumina Knowledge • Riferimenti al portale sulla sicurezza dei prodotti Illumina Aggiornate le seguenti informazioni: • Modificato a 25 °C il limite superiore della temperatura per le specifiche ambientali • Modificato a 41 il punteggio qualitativo delle identificazioni delle basi di alta qualità • Specifiche dell'UPS e modelli specifici per il Paese • Istruzioni per il collegamento al software di controllo remoto per includere l'installazione di un certificato CA • Istruzioni per il caricamento della striscia (a otto) provette della libreria per garantire la coerenza dei volumi dei pozzetti dei campioni • Istruzioni per l'avvio della corsa per riflettere le modifiche all'interfaccia • Istruzioni sui flaconi dei reagenti vuoti usati per chiarezza • Istruzioni per il controllo del sistema con inclusione dei controlli di fluidica specifici per il lato

Documento	Data	Descrizione della modifica
Documento n. 200027529 v09	Giugno 2025	Aggiornamento delle linee guida per la pulizia della cella a flusso e del piano portacelle prima del caricamento dei materiali di consumo. Chiarimento delle autorizzazioni di amministratore. Correzione a 9 del punteggio qualitativo del gruppo marginale.
Documento n. 200027529 v08	Novembre 2024	Aggiunta delle seguenti informazioni: • Posizioni dei pozzetti che includono formammide • Informazioni per il sistema di sequenziamento NovaSeq X rispetto al sistema di sequenziamento NovaSeq X Plus • Codici articolo del kit di reagenti NovaSeq X Series 25B (200 cicli, 100 cicli) • Limitazioni di utilizzo della cella a flusso di lavaggio • Utilizzo delle caselle di spunta dei primer personalizzati per la configurazione della corsa • Esecuzione di una verifica del sistema • Abilitazione delle impostazioni del firewall per supportare le funzioni di accesso remoto • Eliminazione dei file di analisi secondaria dopo il trasferimento • Caricamento di file secondari intermedi (BAM/CRAM/FASTQ) sul cloud • Riavvio del trasferimento file Aggiornate le seguenti informazioni: • Numero di combinazioni di applicazione di analisi e genoma di riferimento supportate aggiornato a 12 con 32 configurazioni di kit o impostazioni supportate • Istruzioni sulle impostazioni di rete • Istruzioni di riavvio per riflettere la nuova funzione • Le informazioni dettagliate sui file di output dell'analisi secondaria DRAGEN, sulla struttura delle cartelle di output e sulle impostazioni di analisi sono state sostituite con riferimenti al sito di supporto per ulteriori informazioni • Rimosse le istruzioni per disabilitare l'accesso FSE

Documento	Data	Descrizione della modifica
Documento n. 200027529 v07	Giugno 2024	Aggiornamento delle linee guida per l'arresto dello strumento. Aggiunta di istruzioni sulle impostazioni di rete. Spostamento delle istruzioni di denaturazione e diluizione nella sezione Generatore del protocollo di denaturazione e diluizione. Riformulazione delle istruzioni per la pianificazione di una corsa.
Documento n.200027529 v06	Marzo 2024	Aggiunta di un'avvertenza sulle parti mobili.
Documento n. 200027529 v05	Ottobre 2023	Aggiornamento dell'intervallo delle specifiche ambientali per l'umidità relativa. Punteggi di qualità aggiornati per le identificazioni delle basi marginali, medie e di alta qualità. Rimozione dell'affermazione sulla concentrazione di carico ottimale applicabile a tipi di libreria identici. Aggiunta di istruzioni per la configurazione dell'analisi per DRAGEN Somatic e DRAGEN Methylation.
Documento n. 200027529 v04	Ottobre 2023	Aggiornamento per NovaSeq X Series 25B Reagent Kit e NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit. Aggiornamento delle istruzioni per rimettere in coda l'analisi sullo strumento. Aggiornamento delle istruzioni di accensione e spegnimento per includere una guida estesa allo spegnimento. Aggiornamento delle autorizzazioni utente. Aggiunta di informazioni per il supporto di più versioni di DRAGEN. Aggiunta di informazioni di output per DRAGEN Methylation e DRAGEN Somatic. Aggiunta di istruzioni per le nuove impostazioni di configurazione del sistema. Rimozione delle istruzioni per la configurazione della rete dello strumento.

Documento	Data	Descrizione della modifica
Documento n. 200027529 v03	Giugno 2023	Aggiornamento sul lavaggio di manutenzione. Aggiornamento delle autorizzazioni utente. Aggiornamento sulla conformità NCC per Taiwan e sulla conformità coreana. Aggiornamento delle istruzioni di accensione e spegnimento. Aggiornamento delle impostazioni di configurazione dell'IP. Aggiornamento delle linee guida per la denaturazione e la diluizione. Aggiunta della modalità di corsa manuale con analisi locale. Aggiunta delle istruzioni per il rinnovo dei certificati TLS e l'aggiunta del server NTP (protocollo per sincronizzare l'orario). Aggiunta delle istruzioni per l'installazione delle versioni di DRAGEN. Aggiunta di linee guida sul ricongelamento dei materiali di consumo scongelati.
Documento n. 200027529 v02	Febbraio 2023	Aggiunta delle informazioni seguenti per NovaSeq X Plus: • Protocollo • Componenti hardware • Materiali di consumo e apparecchiature • Impostazioni del software e del sistema • Primer personalizzati • Sequenziamento dei file di output e struttura • Manutenzione e risoluzione dei problemi • Conformità per il Giappone Aggiornate le seguenti informazioni: • Avvertenze di sicurezza per il laser • Contenuto del contenitore di spedizione e requisiti di consegna • Requisiti di connessione di rete
Documento n. 200027529 v01	Novembre 2022	Aggiunta delle dimensioni per le scatole dei materiali di consumo per il sequenziamento. Chiarimento delle posizioni dell'RFID e di istruzioni per l'apertura del coperchio dell'inserito Lyo. Chiarimento delle dimensioni dello strumento e dei requisiti di rete.
Documento n. 200027529 v00	Settembre 2022	Versione iniziale.



Illumina, Inc.
5200 Illumina Way
San Diego, California 92122 U.S.A.
+1.800.809.ILMN (4566)
+1.858.202.4566 (fuori dal Nord America)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

Solo per uso di ricerca. Non usare in procedure diagnostiche.

© 2026 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati.

illumina®