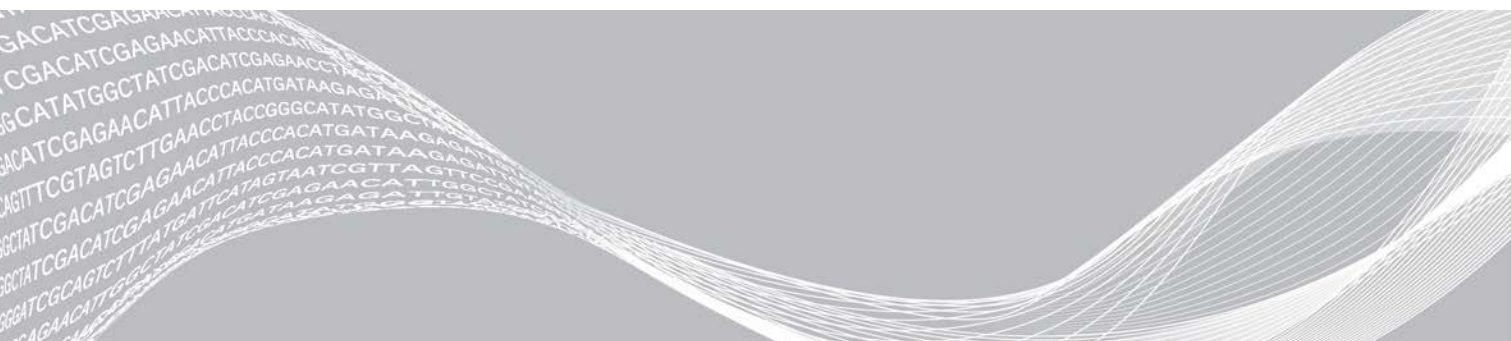


# NextSeq 550

## Guide du système



Ce document et son contenu sont exclusifs à Illumina, Inc. et à ses sociétés affiliées (« Illumina »); ils sont exclusivement destinés à l'usage contractuel de son client dans le cadre de l'utilisation du ou des produits décrits dans les présentes et ne peuvent servir à aucune autre fin. Ce document et son contenu ne seront utilisés ou distribués à aucune autre fin ni communiqués, divulgués ou reproduits d'aucune façon sans le consentement écrit préalable d'Illumina. Illumina ne cède aucune licence en vertu de son brevet, de sa marque de commerce, de ses droits d'auteur ou de ses droits traditionnels ni des droits similaires d'un tiers quelconque par ce document.

Les instructions contenues dans ce document doivent être suivies strictement et explicitement par un personnel qualifié et adéquatement formé de façon à assurer l'utilisation correcte et sûre du ou des produits décrits dans les présentes. Le contenu intégral de ce document doit être lu et compris avant l'utilisation de ce ou ces produits.

SI UN UTILISATEUR NE LIT PAS COMPLÈTEMENT ET NE SUIT PAS EXPLICITEMENT TOUTES LES INSTRUCTIONS CONTENUES DANS LES PRÉSENTES, IL RISQUE DE CAUSER DES DOMMAGES AU(X) PRODUIT(S), DES BLESSURES, NOTAMMENT AUX UTILISATEURS ET À D'AUTRES PERSONNES, AINSI QUE D'AUTRES DOMMAGES MATÉRIELS, ANNULANT AUSSI TOUTE GARANTIE S'APPLIQUANT AU(X) PRODUIT(S).

ILLUMINA DÉCLINE TOUTE RESPONSABILITÉ DÉCOULANT DE L'UTILISATION INAPPROPRIÉE DU OU DES PRODUITS DÉCRITS DANS LES PRÉSENTES (Y COMPRIS LEURS COMPOSANTES ET LE LOGICIEL).

© 2021 Illumina, Inc. Tous droits réservés.

Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).

## Historique des révisions

Document	Date	Description des modifications
Support n° 20006831 Document n° 15069765 v07	Octobre 2021	Mise à jour de la longueur d'analyse maximale selon la durée de l'analyse de séquençage Mise à jour du nombre de cycles dans une section de lecture Réorganisation des étapes dans la section Préparer la Flow Cell Inclusion des nouvelles cartouches et des cartouches d'origine pour le mode manuel Ajout des 3 filtres à air de rechange dans la section Remplacer le filtre à air Mises à jour de la section Vérification du système avec les identifiants LRM
Support n° 20006831 Document n° 15069765 v06	Juin 2019	Ajout de renseignements sur les groupes de travail pour BaseSpace Sequence Hub au cours de la configuration de l'analyse. Ajout de renseignements sur le chemin UNC pour le dossier de sortie. Ajout du dépannage pour les erreurs de stockage réseau. Clarification sur le fait que les instructions du filtre à air sont destinées aux instruments munis d'un filtre accessible depuis le panneau arrière. Mise à jour de l'emplacement des fichiers situés dans le dossier racine pour exécuter des dossiers spécifiques du dossier de sortie.

Document	Date	Description des modifications
<p>Support n° 20006831 Document n° 15069765 v05</p>	<p>Décembre 2018</p>	<p>Mise à jour de la description du logiciel, des écrans et du flux de travail pour le logiciel de commande NextSeq (NCS) 4.0. Mise à jour de des renseignements additionnels suivants pour le NCS 4.0.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Ajout de renseignements sur le logiciel Local Run Manager.</li> <li>• Modification du nom BaseSpace pour BaseSpace Sequence Hub. L'onglet Prep (Préparation) de BaseSpace et BaseSpace Onsite ne sont plus disponibles.</li> <li>• Ajout des directives sur la sélection du mode Local Run Manager ou du mode manuel. Le mode manuel remplace le mode autonome et comporte quelques modifications.</li> <li>• Ajout de l'option de vérification des mises à jour logicielles dans BaseSpace Sequence Hub.</li> <li>• Ajout de Local Run Manager, Universal Copy Service et du contrôleur d'accès direct à la mémoire (DMA) à la description de la suite logicielle regroupée du système. Retrait de BaseSpace Broker et SAV.</li> <li>• Run Copy Service devient Universal Copy Service.</li> <li>• Ajout de l'option d'activer les formules personnalisées lors du chargement de la cartouche de réactifs.</li> <li>• Retrait de la description de l'image de la Flow Cell lors de la surveillance de la progression de l'analyse.</li> <li>• Retrait de l'option de démarrage pour le mode kiosque et le mode Windows.</li> <li>• Ajout de la puce MethylationEPIC v1.0 en tant que type de puce BeadChip compatible.</li> <li>• Ajout de directives de maintenance pour les instruments munis d'un filtre à air.</li> <li>• Ajout des nouvelles icônes d'avertissement, d'information et de réduction du NCS.</li> <li>• Mise à jour des directives pour personnaliser les paramètres de l'analyse et du système.</li> <li>• Mise à jour de l'option d'envoi des données sur la performance de l'instrument.</li> <li>• Mise à jour des icônes de transfert des données.</li> <li>• Clarification sur le fait qu'il n'y a pas de limite de temps pour le balayage lors de la mise en attente des fichiers en vue d'un transfert.</li> <li>• Remplacement de la référence à « BSM » par « mécanisme de conduite des tampons » dans les renseignements portant sur la vérification des mouvements.</li> <li>• Ajout de la mention que le mot de passe Windows doit être modifié tous les six mois.</li> </ul> <p>Ajout du méthanol ou de l'alcool isopropylique (99 %) de qualité réactif ou spectrophotométrique pour la maintenance de l'instrument.</p>

Document	Date	Description des modifications
Support n° 20006831 Document n° 15069765 v04	Mai 2018	<p>Ajout d'information sur les réactifs NextSeq v2.5.</p> <p>Mise à jour des renseignements sur le stockage et la livraison concernant les trousse de réactifs NextSeq v2.5 pour préciser que les Flow Cell sont livrées à température ambiante. Les exigences de stockage déterminées antérieurement sont encore valides pour les Flow Cell NextSeq v2.5.</p> <p>Ajout d'information pour préciser que les trousse de réactifs NextSeq v2.5 nécessitent la version 2.2 du logiciel.</p> <p>Ajout d'une remarque sur la concentration de chargement de la trousse à débit moyen.</p> <p>Ajout d'une remarque sur la préservation des Flow Cell.</p> <p>Ajout d'une remarque recommandant d'utiliser des Flow Cell à débit élevé pour les vérifications du système.</p>
Support n° 20006831 Document n° 15069765 v03	Mars 2018	<p>Retrait du nom d'utilisateur et du mot de passe par défaut nécessaires pour la connexion au système d'exploitation.</p> <p>Illumina recommande l'utilisation d'identifiants spécifiques au site.</p> <p>Ajout de renseignements sur le service de surveillance Illumina Proactive à la section Définir une configuration BaseSpace.</p> <p>Mise à jour de la référence au logiciel RTA v2 pour la remplacer par RTA2.</p>
Support n° 20006831 Document n° 15069765 v02	Mars 2016	<p>Ajout d'une section intitulée Considérations relatives à l'indexage.</p> <p>Suppression des étapes d'inspection de la Flow Cell.</p> <p>Spécification du volume et de la concentration de chargement à l'étape intitulée Charger les bibliothèques sur la cartouche des réactifs.</p>
Support n° 20001843 Document n° 15069765 v01	Octobre 2015	<p>Spécification selon laquelle le consommable qui remplace celui du fournisseur de NaOCl recommandé doit être un produit de catégorie laboratoire.</p> <p>Ajout de recommandations relatives au service de maintenance préventive annuelle.</p> <p>Réorganisation des renseignements dans les chapitres Présentation et Premiers pas. Ajout d'instructions de personnalisation des paramètres du système.</p> <p>Retrait des instructions d'aide en direct du chapitre Dépannage.</p> <p>Cette option a été supprimée du logiciel de commande.</p>
N° 15069765 Rév. B	Mai 2015	Correction de la description des réservoirs réservés de la cartouche de réactifs.
N° 15069765 Rév. A	Mai 2015	Publication originale.

# Table des matières

Chapitre 1 Vue d'ensemble .....	1
Introduction .....	1
Ressources supplémentaires .....	2
Instrument NextSeq 550Dx en mode recherche uniquement .....	2
Composants de l'instrument .....	3
Présentation des consommables pour le séquençage .....	7
Chapitre 2 Pour commencer .....	11
Démarrage de l'instrument .....	11
Personnaliser les paramètres du système .....	12
Personnaliser les paramètres de l'analyse .....	13
Consommables et équipement fournis par l'utilisateur .....	14
Chapitre 3 Séquençage .....	16
Introduction .....	16
Créer une analyse dans Local Run Manager .....	17
Créer une analyse avec le NCS .....	17
Préparer la cartouche de réactifs .....	17
Préparer la Flow Cell .....	18
Préparer des bibliothèques pour le séquençage .....	19
Configurer une analyse de séquençage .....	20
Surveiller la progression de l'analyse .....	27
Lavage automatique après analyse .....	28
Chapitre 4 Balayage .....	30
Introduction .....	30
Télécharger le dossier DMAP .....	31
Charger la puce BeadChip dans l'adaptateur .....	32
Configurer un balayage .....	32
Surveiller la progression du balayage .....	35
Chapitre 5 Maintenance .....	37
Introduction .....	37
Effectuer un lavage manuel .....	37
Remplacer le filtre à air .....	40
Mises à jour logicielles .....	41
Arrêt de l'instrument .....	43
Annexe A Dépannage .....	44
Introduction .....	44
Fichiers de dépannage .....	44
Résoudre les erreurs relevées par les vérifications automatiques .....	46
Réservoir à réactifs usagés plein .....	49

Flux de travail de réhybridation .....	49
Erreurs de puce BeadChip et de balayage .....	51
Formules personnalisées et dossiers de formules .....	53
Vérification du système .....	53
Message d'erreur RAID .....	56
Erreur de stockage réseau .....	56
Configuration des paramètres du système .....	56
Annexe B Real-Time Analysis .....	60
Présentation de Real-Time Analysis .....	60
Flux de travail de Real-Time Analysis .....	61
Annexe C Fichiers et dossiers de sortie .....	65
Fichiers de sortie de séquençage .....	65
Structure des dossiers de sortie de séquençage .....	68
Fichiers de sortie du balayage .....	69
Structure du dossier de sortie de balayage .....	70
Annexe D Considérations concernant l'instrument NextSeq 550Dx en mode recherche .....	71
Introduction .....	71
Compatibilité des consommables du système NextSeq 550Dx .....	71
Démarrer l'instrument NextSeq 550Dx .....	72
Indicateurs de mode de l'instrument NextSeq 550Dx .....	73
Options de redémarrage et d'arrêt de l'instrument NextSeq 550Dx .....	73
Index .....	75
Assistance technique .....	79

# Chapitre 1 Vue d'ensemble

Introduction .....	1
Ressources supplémentaires .....	2
Instrument NextSeq 550Dx en mode recherche uniquement .....	2
Composants de l'instrument .....	3
Présentation des consommables pour le séquençage .....	7

## Introduction

Le système NextSeq<sup>MC</sup> 550 d'Illumina<sup>MD</sup> est une solution unique qui permet une transition fluide entre le séquençage à débit élevé et le balayage de puce à ADN.

### Fonctionnalités du séquençage

- ▶ **Séquençage à débit élevé** : l'instrument NextSeq 550 permet le séquençage des exomes, des génomes entiers et des transcriptomes. Il prend en charge les bibliothèques TruSeq<sup>MC</sup>, TruSight<sup>MC</sup> et Nextera<sup>MC</sup>.
- ▶ **Types de Flow Cell** : les Flow Cell sont disponibles dans des configurations pour débit moyen et débit élevé. Chaque type de Flow Cell est doté d'une cartouche de réactifs compatible préremplie.
- ▶ **Real-Time Analysis (RTA)** : ce logiciel d'analyse intégré exécute l'analyse des données sur instrument, ce qui comprend l'analyse d'images et la définition des bases. Le système NextSeq utilise une version de RTA appelée RTA v2, qui comporte d'importants changements en matière d'architecture et de fonctionnalités. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Real-Time Analysis*, à la page 60.
- ▶ **Analyse infonuagique avec BaseSpace Sequence Hub<sup>MC</sup>** : le flux de travail de séquençage est intégré à BaseSpace Sequence Hub, l'environnement infonuagique de génomique d'Illumina consacré au suivi des analyses de séquençage, à l'analyse des données, à leur stockage et à leur partage. Au cours de l'analyse de séquençage, les fichiers de sortie sont transférés en temps réel vers BaseSpace Sequence Hub pour l'analyse.
- ▶ **Analyse des données sur instrument** : le logiciel Local Run Manager analyse les données de séquençage selon le module d'analyse spécifié pour l'analyse de séquençage.

### Fonctionnalités du balayage de la puce à ADN

- ▶ **Balayage de la puce à ADN intégré au logiciel de commande** : le système NextSeq 550 vous permet de passer du balayage de puce à ADN au séquençage à débit élevé sur le même instrument et sur le même logiciel de commande.
- ▶ **Capacité d'imagerie étendue** : le système d'imagerie du NextSeq 550 comprend des modifications logicielles et de platine qui permettent de réaliser l'imagerie d'une surface plus importante et, par conséquent, le balayage de puces BeadChip.
- ▶ **Types de puce BeadChip** : parmi les types de puce BeadChip compatibles figurent CytoSNP-12, CytoSNP-850K, Karyomap-12 et MethylationEPIC v1.0.
- ▶ **Adaptateur de puce BeadChip** : un adaptateur de puce BeadChip réutilisable permet de charger facilement une puce BeadChip sur l'instrument.
- ▶ **Analyse des données** : utilisez le logiciel BlueFuse<sup>MD</sup> Multi pour analyser les données de la puce à ADN.



## Ressources supplémentaires

La documentation suivante est disponible en téléchargement sur le site Web d'Illumina.

Ressource	Description
<i>Guide de préparation du site du système NextSeq (document n° 15045113)</i>	Fournit les spécifications relatives à l'espace du laboratoire, les exigences électriques et les considérations environnementales.
<i>Guide de sécurité et de conformité du système NextSeq (document n° 15046564)</i>	Fournit des renseignements concernant les questions de sécurité, les déclarations de conformité et l'étiquetage de l'instrument.
<i>Guide de l'utilisateur du lecteur RFID – modèle TR-001-44 (document n° 15041950)</i>	Fournit des renseignements sur le lecteur RFID de l'instrument, les certificats de conformité et les questions de sécurité.
<i>Dénaturation et dilution de librairies pour le système NextSeq (document n° 15048776)</i>	Fournit des instructions pour la dénaturation et la dilution de librairies préparées en vue d'une analyse de séquençage et pour la préparation d'un contrôle PhiX facultatif. Cette étape s'applique à la plupart des types de librairies.
<i>Guide des primers personnalisés NextSeq (document n° 15057456)</i>	Fournit des renseignements sur l'utilisation de primers de séquençage personnalisés à la place des primers de séquençage d'Illumina.
<i>Aide de BaseSpace</i>	Fournit des renseignements concernant l'utilisation de BaseSpace <sup>MC</sup> Séquence Hub et les options d'analyse disponibles.
<i>Guide de référence de l'instrument NextSeq 550Dx (document n° 1000000009513)</i>	Donne un aperçu des composants et des logiciels de l'instrument, les instructions pour effectuer des analyses de séquençage ainsi que les procédures à suivre pour la maintenance et le dépannage de l'instrument NextSeq 550Dx.
<i>Guide du logiciel Local Run Manager (document n° 1000000002702)</i>	Fournit un aperçu du logiciel Local Run Manager et des directives d'utilisation de ses fonctions.

Consultez la [page d'assistance du système NextSeq 550](#) sur le site Web d'Illumina pour accéder à la documentation, aux téléchargements de logiciels, à la formation en ligne et aux foires aux questions.

## Instrument NextSeq 550Dx en mode recherche uniquement

Les directives du présent guide sont aussi applicables à l'instrument NextSeq 550Dx lorsqu'il est en mode recherche avec la plus récente version du logiciel de l'instrument en mode recherche uniquement. Pour voir un résumé des exceptions et autres considérations, consultez la section *Considérations concernant l'instrument NextSeq 550Dx en mode recherche*, à la page 71.

## Composants de l'instrument

Le système NextSeq 550 comprend un moniteur tactile, une barre d'état et quatre compartiments.

Figure 1 Composants de l'instrument



- A **Moniteur tactile** : permet la configuration et le paramétrage sur l'instrument à l'aide de l'interface du logiciel de commande.
- B **Barre d'état** : indique si l'instrument est en cours de traitement (bleu), s'il nécessite une attention particulière (orange), s'il est prêt pour le séquençage (vert) ou si un lavage doit être effectué dans les 24 prochaines heures (jaune).
- C **Compartiment du tampon** : contient la cartouche de tampon et le réservoir de réactifs usagés.
- D **Compartiment de réactifs** : contient la cartouche de réactifs.
- E **Bouton d'alimentation** : sert à mettre sous tension l'instrument et l'ordinateur de l'instrument et à les fermer.
- F **Compartiment d'imagerie** : contient la Flow Cell pour le séquençage ou l'adaptateur de puce BeadChip pour le balayage.
- G **Compartiment du filtre à air** : contient le filtre à air pour les instruments avec un filtre accessible depuis le panneau arrière.

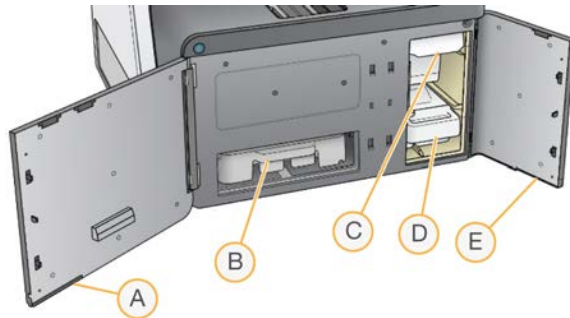
### Compartiment d'imagerie

Le compartiment d'imagerie contient la platine, qui comprend trois broches d'alignement pour le positionnement de la Flow Cell pour un séquençage ou de l'adaptateur de puce BeadChip pour un balayage. Après le chargement de la Flow Cell ou de l'adaptateur de puce BeadChip, la porte du compartiment d'imagerie se ferme automatiquement et positionne les composants correctement.

### Compartiments des réactifs et du tampon

Pour paramétrer une analyse de séquençage sur l'instrument NextSeq 550, vous devez accéder au compartiment des réactifs et au compartiment du tampon pour charger les consommables de l'analyse et vider le réservoir à réactifs usagés.

Figure 2 Compartiments des réactifs et du tampon



- A **Porte du compartiment de réactifs** : elle ferme le compartiment des réactifs à l'aide d'un verrou qui se trouve sous le coin inférieur droit de la porte. Le compartiment des réactifs contient la cartouche de réactifs. Les réactifs sont pompés par les dispositifs d'aspiration, le système fluidique et la Flow Cell.
- B **Cartouche de réactifs** : la cartouche de réactifs est un consommable à usage unique prérempli.
- C **Cartouche du tampon** : la cartouche du tampon est un consommable à usage unique prérempli.
- D **Réservoir à réactifs usagés** : les réactifs usagés sont recueillis pour leur mise au rebut après chaque analyse.
- E **Porte du compartiment du tampon** : elle ferme le compartiment du tampon à l'aide d'un verrou qui se trouve sous le coin inférieur gauche de la porte.

## Compartiment du filtre à air

Le compartiment du filtre à air contient le filtre à air pour les instruments avec un filtre accessible depuis le panneau arrière. Remplacez le filtre à air tous les 90 jours. Pour obtenir de l'information sur le remplacement du filtre, consultez la section *Remplacer le filtre à air*, à la page 40.

## Logiciels de l'instrument NextSeq

Les logiciels de l'instrument comprennent des applications intégrées qui effectuent des analyses de séquençage ou des balayages de puce à ADN.







- ▶ **Logiciel de commande NextSeq (NCS)** : contrôle le fonctionnement de l'instrument et vous accompagne à chaque étape de configuration d'une analyse de séquençage ou d'un balayage de puce à ADN.
  - ▶ Le logiciel est préinstallé sur l'instrument NextSeq et est exécuté sur l'instrument. Le NCS exécute l'analyse selon les paramètres indiqués dans le module du logiciel Local Run Manager ou dans le NCS.
  - ▶ Avant de lancer l'analyse de séquençage, vous devez sélectionner une analyse que vous avez créée avec le module Local Run Manager ou dans le NCS. L'interface du NCS vous guide tout au long des étapes de chargement de la Flow Cell et des réactifs.
  - ▶ Au cours de l'analyse, le logiciel actionne la platine de Flow Cell, distribue les réactifs, contrôle le système fluidique, règle les températures, capture les images des amplifiats sur la Flow Cell et présente un récapitulatif visuel des statistiques de qualité. Vous pouvez surveiller l'analyse dans le NCS ou dans Local Run Manager.
  - ▶ Pendant l'analyse, que vous pouvez surveiller dans NCS ou dans Local Run Manager, le NCS exécute les fonctions suivantes :
    - ▶ Fonctionnement de la platine de Flow Cell
    - ▶ Distribution des réactifs
    - ▶ Contrôle de la fluidique
    - ▶ Réglage de la température
    - ▶ Capture des images des amplifiats sur la Flow Cell

- ▶ Présentation d'un récapitulatif visuel des statistiques de qualité
- ▶ **Logiciel Local Run Manager** : solution logicielle intégrée servant à la création des analyses et à l'analyse des résultats (analyse secondaire). Le logiciel permet aussi le suivi des échantillons et peut contrôler les autorisations des utilisateurs.
- ▶ **Logiciel Real-Time Analysis (RTA)** : pour les analyses de séquençage, RTA effectue l'analyse des images et la définition des bases lors de l'analyse. Le système NextSeq 550 utilise RTA v2, qui diffère grandement des versions antérieures en matière de fonctionnalités et d'architecture. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Real-Time Analysis*, à la page 60.
- ▶ **Universal Copy Service** : ce logiciel copie, dans le dossier de sortie et dans BaseSpace Sequence Hub (s'il y a lieu), les fichiers de sortie de séquençage se trouvant dans le dossier d'analyse.

Real-Time Analysis (RTA) et Universal Copy Service exécutent leurs processus en arrière-plan seulement.

## Icônes d'état


Une icône d'état située dans le coin supérieur droit de l'écran d'interface du logiciel de commande indique un changement de situation au cours de la configuration de l'analyse ou au cours de l'analyse.

Icône d'état	Nom de l'état	Description
	Status OK (État OK)	Le système est normal.
	Processing (Traitement)	Le système est en cours de traitement.
	Warning (Avertissement)	Un avertissement a eu lieu. Les avertissements n'interrompent pas l'analyse et ne nécessitent pas d'intervention pour la poursuite de l'analyse.
	Error (Erreur)	Une erreur a eu lieu. Les erreurs nécessitent une intervention avant la poursuite de l'analyse.
	Attention	Un avis a été généré et nécessite une attention. Reportez-vous au message pour avoir des renseignements supplémentaires.
	Information	Il s'agit d'un message à titre informatif seulement. Aucune autre action n'est requise.

Lorsqu'un changement de situation se produit, l'icône clignote afin de vous alerter. Sélectionnez l'icône pour afficher une description de la situation. Sélectionnez **Acknowledge** (Accepter) pour accepter le message et **Close** (Fermer) pour fermer la boîte de dialogue.

## Icône de la barre de navigation

L'icône de réduction du NCS se trouve dans le coin supérieur droit de l'interface du logiciel de contrôle.

Icône d'accès	Nom de l'icône	Description
	Minimize NCS (Réduire le NCS)	Pour réduire le NCS afin d'accéder aux applications et aux dossiers de Windows.

## Bouton d'alimentation

Le bouton d'alimentation situé sur la partie avant du NextSeq met sous tension l'instrument et l'ordinateur de l'instrument. Il réalise les actions suivantes en fonction de l'état de l'alimentation de l'instrument.

État de l'alimentation	Action
Instrument hors tension	Appuyez brièvement sur le bouton pour mettre l'instrument sous tension.
Instrument sous tension	Appuyez brièvement sur le bouton pour mettre l'instrument hors tension. Une boîte de dialogue s'affiche à l'écran pour confirmer que l'instrument s'est arrêté normalement.
Instrument sous tension	Appuyez et maintenez le bouton d'alimentation enfoncé pendant 10 secondes pour provoquer un arrêt forcé de l'instrument et de l'ordinateur de l'instrument. Utilisez cette méthode pour mettre l'instrument hors tension uniquement si l'instrument ne répond pas.



### REMARQUE

Mettre l'instrument hors tension au cours d'une analyse de séquençage arrête immédiatement celle-ci. L'arrêt d'une analyse est définitif. Les consommables de l'analyse ne peuvent pas être réutilisés et les données de séquençage de l'analyse ne sont pas enregistrées.

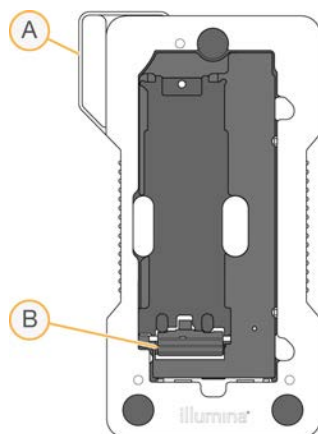
## Exigences en matière de mots de passe Windows

Le système d'exploitation requiert que le mot de passe Windows soit modifié tous les 180 jours. Modifiez le mot de passe Windows lorsque vous y êtes invité. Si vous utilisez Local Run Manager pour l'analyse, modifiez aussi le mot de passe pour le compte Windows dans Local Run Manager. Consultez la section Spécifier les paramètres du compte de service dans le *Guide du logiciel Local Run Manager (document n° 1000000002702)*.

## Présentation de l'adaptateur de puce BeadChip réutilisable

L'adaptateur de puce BeadChip contient la puce BeadChip pendant le balayage. La puce BeadChip est fixée dans l'étagère encastrée de l'adaptateur grâce à la pince de maintien. L'adaptateur de puce BeadChip est ensuite chargé sur la platine, dans le compartiment d'imagerie.

Figure 3 Adaptateur de puce BeadChip réutilisable



- A Adaptateur de puce BeadChip
- B Pince de maintien

## Présentation des consommables pour le séquençage

### Contenu et stockage

Les consommables de séquençage nécessaires au fonctionnement de l'instrument NextSeq sont fournis séparément, dans une trousse à usage unique. Chaque trousse comprend une Flow Cell, une cartouche de réactifs, une cartouche de tampon et un tampon de dilution de librairie. À la réception de la trousse NextSeq 500/550 :

- ▶ N'ouvrez pas l'emballage en aluminium de la Flow Cell avant d'en recevoir la directive.
- ▶ Rangez rapidement les composants à la température indiquée afin de garantir leur performance.
- ▶ Rangez les cartouches en les positionnant de façon à ce que les étiquettes de l'emballage soient face vers le haut.

Consommable	Quantité	Température de stockage	Description
cartouche de réactifs	1	De -25 °C à -15 °C	Contient les réactifs de génération d'amplifiats et de séquençage
cartouche de tampon	1	15 à 30 °C	Contient le tampon et la solution de lavage
HT1	1	De -25 °C à -15 °C	Tampon d'hybridation
Flow Cell	1	2 à 8 °C*	Flow Cell à usage unique

\* Trousses de réactifs NextSeq v2.5 livrées à température ambiante

Les réactifs sont sensibles à la lumière. Conservez la cartouche de réactifs et la cartouche de tampon dans un endroit sombre, à l'abri de la lumière.

La Flow Cell, la cartouche de réactifs et la cartouche de tampon utilisent une identification par radiofréquence (RFID) pour un suivi précis des consommables et pour des questions de compatibilité.

Toutes les autres trousses comprennent une cartouche préremplie de primers de séquençage à double index et de NaOCl. Aucune étape supplémentaire n'est requise.



#### ATTENTION

Les trousses de réactifs NextSeq v2.5 requièrent la version 2.2 du NCS ou une version plus récente. Assurez-vous que les mises à jour sont terminées avant de préparer les échantillons et les consommables.

### Compatibilité et étiquetage de la trousse

Des codes de couleurs figurent sur les composants de la trousse afin d'indiquer la compatibilité des Flow Cell avec les cartouches de réactifs. Utilisez toujours une cartouche de réactifs et une Flow Cell compatibles. La cartouche de tampon est universelle.

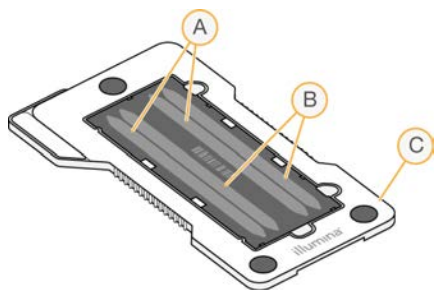
Toutes les Flow Cell et toutes les cartouches de réactifs sont étiquetées **High** (Élevé) ou **Mid** (Moyen). Vérifiez toujours l'étiquette lorsque vous préparez les consommables pour une analyse.

Type de trousse	Marquage sur l'étiquette
Composants de la trousse de débit élevé	
Composants de la trousse de débit moyen	

Il y a des considérations additionnelles en matière de compatibilité concernant les instruments NextSeq 550Dx en mode recherche. Consultez la section *Compatibilité des consommables du système NextSeq 550Dx*, à la page 71.

## Présentation de la Flow Cell

Figure 4 Cartouche de Flow Cell



- A Paire de lignes A : lignes un et trois
- B Paire de lignes B : lignes deux et quatre
- C Châssis de la cartouche de Flow Cell

La Flow Cell est un substrat de verre qui sert de support à la génération des amplifiats et à la réaction de séquençage. La Flow Cell est enchâssée dans une cartouche de Flow Cell.

La Flow Cell contient quatre lignes qui sont imagées par paires.

- ▶ Les lignes un et trois (paire de lignes A) sont imagées simultanément.
- ▶ Les lignes deux et quatre (paire de lignes B) sont imagées lorsque l'imagerie de la paire de lignes A est terminée.

Bien que la Flow Cell contienne quatre lignes, seulement une librairie ou un ensemble de librairies est séquençé sur la Flow Cell. Les librairies sont chargées sur la cartouche de réactifs dans un réservoir unique et transférées automatiquement sur les quatre lignes de la Flow Cell.

Chaque ligne est imagée par petites zones d'imagerie appelées plaques. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Plaques de la Flow Cell*, à la page 66.

## Présentation de la cartouche de réactifs

La cartouche de réactifs est un consommable à usage unique avec suivi RFID, doté de réservoirs recouverts d'un opercule en aluminium qui sont préremplis de réactifs d'amplification et de séquençage.

Figure 5 Cartouche de réactifs



La cartouche de réactifs contient un réservoir prévu pour le chargement des bibliothèques préparées. Après le lancement de l'analyse, les bibliothèques sont transférées automatiquement du réservoir à la Flow Cell.

Plusieurs réservoirs sont réservés pour le lavage automatique après analyse. La solution de lavage est pompée de la cartouche de tampon jusqu'aux réservoirs réservés, à travers le système, puis jusqu'au réservoir de réactifs usagés.



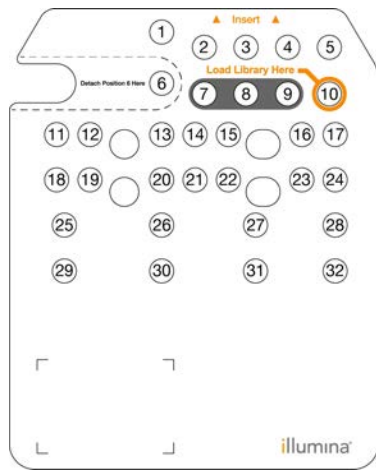
### AVERTISSEMENT

Ce groupe de réactifs contient des produits chimiques potentiellement dangereux. Des risques de lésions corporelles peuvent survenir par inhalation, ingestion, contact avec la peau et contact avec les yeux. Portez un équipement de protection, y compris des lunettes, des gants et une blouse de laboratoire, adapté à l'exposition à ces risques. Traitez les réactifs usagés comme des déchets chimiques et éliminez-les conformément aux lois et règles régionales, nationales et locales en vigueur. Pour obtenir des renseignements supplémentaires sur l'environnement, la santé et la sécurité, consultez la fiche signalétique sur [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).



## Réservoirs réservés

Figure 6 Réservoirs numérotés



Position	Description
7, 8 et 9	Réservées aux primers personnalisés facultatifs
10	Charger les librairies

Pour obtenir plus de renseignements sur les primers personnalisés, consultez le *Guide des primers personnalisés NextSeq* (document n° 15057456).

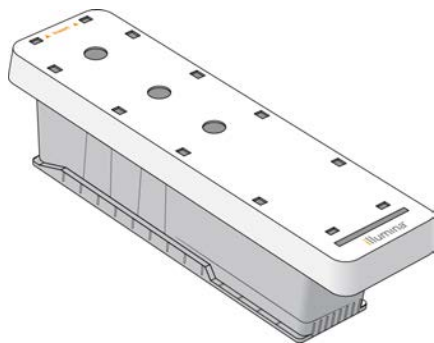
### Réservoir amovible en position n° 6

La cartouche de réactifs préremplie comprend un réactif de dénaturation en position n° 6 qui contient du formamide. Pour faciliter la mise au rebut sécuritaire de tout réactif non utilisé après l'analyse de séquençage, le réservoir en position n° 6 est amovible. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Retirer le réservoir usagé de la position n° 6*, à la page 26.

### Présentation de la cartouche de tampon

La cartouche de tampon est un consommable à usage unique contenant trois réservoirs préremplis de solutions tampons et d'une solution de lavage. Le contenu de la cartouche de tampon suffit au séquençage d'une Flow Cell.

Figure 7 Cartouche de tampon



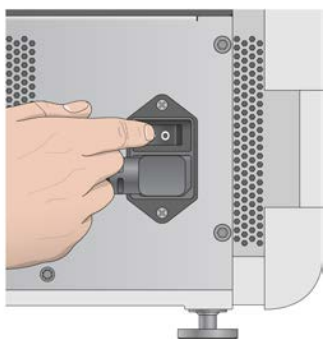
# Chapitre 2 Pour commencer

Démarrage de l'instrument .....	11
Personnaliser les paramètres du système .....	12
Personnaliser les paramètres de l'analyse .....	13
Consommables et équipement fournis par l'utilisateur .....	14

## Démarrage de l'instrument

Mettez l'interrupteur principal en position I (Marche).

**Figure 8** Interrupteur d'alimentation situé à l'arrière de l'instrument



### REMARQUE

Pour démarre l'instrument NextSeq 550Dx en mode recherche, consultez la section *Démarrer l'instrument NextSeq 550Dx*, à la page 72.

- 1 Appuyez sur le bouton d'alimentation situé au-dessus du compartiment de réactifs. Le bouton d'alimentation active l'alimentation de l'instrument et démarre l'ordinateur et les logiciels intégrés à l'instrument.

**Figure 9** Bouton d'alimentation situé à l'avant de l'instrument



- 2 Attendez le chargement complet du système d'exploitation.  
Le logiciel de commande NextSeq Control Software (NCS) démarre et initialise automatiquement le système. À la fin de l'étape d'initialisation, l'écran d'accueil s'ouvre.
- 3 Si la configuration du système nécessite des identifiants de connexion, attendez que le système soit chargé, puis ouvrez une session du système d'exploitation. Si nécessaire, consultez l'administrateur de votre établissement pour obtenir le nom d'utilisateur et le mot de passe.

## Personnaliser les paramètres du système

Le logiciel de commande comprend des paramètres de système personnalisables pour les éléments suivants. Pour changer les paramètres de configuration du réseau, consultez la section *Configuration des paramètres du système*, à la page 56.

- ▶ Personnaliser l'identification de l'instrument (avatar et surnom)
- ▶ Configurer l'option de clavier et l'indicateur sonore
- ▶ Configurer l'option de formules personnalisées
- ▶ Configurer la vérification des mises à jour logicielles de l'instrument à partir de BaseSpace Sequence Hub
- ▶ Configurer l'option d'envoyer les données sur la performance de l'instrument

## Personnaliser l'avatar et le surnom de l'instrument

- 1 Sur l'écran d'accueil, sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **System Customization** (Personnalisation du système).
- 3 Pour attribuer l'avatar de votre choix à l'instrument, sélectionnez **Browse** (Parcourir) et localisez l'image.
- 4 Saisissez le nom d'instrument de votre choix dans le champ Nickname (Surnom).
- 5 Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour enregistrer les paramètres et quitter l'écran. L'image et le nom apparaissent dans le coin supérieur gauche de chaque écran.

## Configurer l'option de clavier et l'indicateur sonore

- 1 Sur l'écran d'accueil, sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **System Customization** (Personnalisation du système).
- 3 Cochez la case **Use on-screen keyboard** (Utiliser le clavier à l'écran) afin d'activer le clavier à l'écran pour saisir des renseignements à communiquer à l'instrument.
- 4 Cochez la case **Play audio** (Lire les sons) pour activer les indicateurs audio pour les événements suivants :
  - ▶ lors de l'initialisation de l'instrument;
  - ▶ au démarrage d'une analyse;
  - ▶ lors de certaines erreurs;
  - ▶ lorsqu'une interaction avec l'utilisateur est nécessaire;
  - ▶ à la fin d'une analyse.
- 5 Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour enregistrer les paramètres et quitter l'écran.

## Configurer l'option de formules personnalisées

- 1 Sur l'écran d'accueil, sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **System Customization** (Personnalisation du système).
- 3 Cochez la case **Enable Custom Recipes** (Activation des formules personnalisées) pour activer la fonction de sélection d'une formule personnalisée lors du chargement d'une cartouche de réactifs. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Formules personnalisées et dossiers de formules*, à la page 53.
- 4 Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour enregistrer les paramètres et quitter l'écran.

## Configurer la vérification des mises à jour logicielles de l'instrument à partir de BaseSpace

- 1 Sur l'écran d'accueil, sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **System Customization** (Personnalisation du système).
- 3 Cochez la case **Automatically check for new software updates on BaseSpace** (Vérifier automatiquement les nouvelles mises à jour logicielles sur BaseSpace) pour activer les vérifications automatiques des mises à jour pour BaseSpace Sequence Hub.  
La recherche automatique de mises à jour est réalisée toutes les 24 heures. Lorsqu'une mise à jour est disponible, une notification s'affiche aux endroits suivants :
  - ▶ sur l'écran Manage Instrument (Gérer l'instrument), à l'icône Software Update (Mise à jour logicielle);
  - ▶ au bouton Manage Instrument (Gérer l'instrument) de l'écran d'accueil.
- 4 Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour enregistrer les paramètres et quitter l'écran.

## Configurer l'option d'envoyer les données sur la performance de l'instrument

- 1 Sur l'écran d'accueil, sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **System Customization** (Personnalisation du système).
- 3 Sélectionnez **Send Instrument Performance Data to Illumina** (Envoyer les données sur la performance de l'instrument à Illumina) pour activer le service de surveillance Illumina Proactive. Le nom du paramètre affiché dans l'interface du logiciel pourrait être différent du nom indiqué dans le présent guide, selon la version du logiciel de commande NextSeq Control Software (NCS) utilisée.  
Lorsque ce paramètre est activé, les données relatives à la performance de l'instrument sont transmises à Illumina. Ces données facilitent le dépannage par Illumina et lui permettent de détecter les pannes potentielles, d'exécuter une maintenance proactive et d'optimiser le temps d'utilisation de l'instrument. Pour obtenir plus de renseignements sur les avantages de ce service, consultez la *note technique d'Illumina Proactive (document n° 1000000052503)*.  
Ce service :
  - ▶ Ne transmet pas de données de séquençage.
  - ▶ Nécessite la connexion de l'instrument à un réseau ayant accès à Internet.
  - ▶ Est activé par défaut. Pour choisir de ne pas utiliser ce service, désactivez le paramètre **Send Instrument Performance Data to Illumina** (Envoyer les données sur la performance de l'instrument à Illumina).
- 4 Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour enregistrer les paramètres et quitter l'écran.

## Personnaliser les paramètres de l'analyse

Le logiciel de commande contient des paramètres personnalisables pour les préférences de configuration de l'analyse et l'élimination des réactifs inutilisés.

## Configurer les options de configuration de l'analyse

- 1 Sur l'écran d'accueil, sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **System Customization** (Personnalisation du système).

- 3 Cochez la case **Use Advanced Load Consumables** (Utiliser les consommables de chargement avancé) pour activer l'option permettant de charger tous les consommables de l'analyse à partir d'un écran unique.
- 4 Cochez la case **Skip Pre-Run Check Confirmation** (Ignorer la confirmation de la vérification avant analyse) pour démarrer automatiquement le séquençage ou le balayage une fois la vérification automatique correctement effectuée.
- 5 Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour enregistrer les paramètres et quitter l'écran.

## Configurer l'option d'élimination automatique

- 1 Sur l'écran d'accueil, sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **System Customization** (Personnalisation du système).
- 3 Cochez la case **Purge Consumables at End of Run** (Éliminer les consommables à la fin de l'analyse) pour éliminer automatiquement les réactifs inutilisés de la cartouche de réactifs vers le réservoir des réactifs usagés après chaque analyse.



### REMARQUE

L'élimination automatique des consommables allonge la durée du flux de travail.

- 4 Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour enregistrer les paramètres et quitter l'écran.

## Consommables et équipement fournis par l'utilisateur

L'équipement et les consommables suivants sont utilisés sur le NextSeq 550.

### Consommables pour le séquençage

Consommable	Fournisseur	Utilisation
NaOH 1 N (hydroxyde de sodium)	Fournisseur de laboratoire général	Dénaturation de la librairie, diluée à 0,2 N
Tampons imbibés d'alcool isopropylique à 70 % ou Éthanol à 70 %	VWR, n° de référence 95041-714 (ou équivalent) Fournisseur de laboratoire général	Nettoyage de la Flow Cell et usage général
Tissu de laboratoire non pelucheux	VWR, n° de référence 21905-026 (ou équivalent)	Nettoyage de la Flow Cell

### Consommables pour la maintenance et le dépannage

Consommable	Fournisseur	Utilisation
NaOCl, 5 % (hypochlorite de sodium)	Sigma-Aldrich, n° de référence 239305 (ou produit de catégorie laboratoire équivalent)	Lavage de l'instrument à l'aide de la fonction de lavage manuel après analyse; dilution à 0,12 %
Tween 20	Sigma-Aldrich, n° de référence P7949	Lavage de l'instrument à l'aide des options de lavage manuel, dilution à 0,05 %
Eau de laboratoire	Fournisseur de laboratoire général	Lavage de l'instrument (lavage manuel)

Consommable	Fournisseur	Utilisation
Méthanol ou alcool isopropylique (99 %) de qualité réactif ou spectrophotométrique, flacon de 100 ml	Fournisseur de laboratoire général	Nettoyage périodique des composants optiques et support de la cartouche de nettoyage de l'objectif
Filtre à air	Illumina, n° de référence 20022240	Pour instruments avec un filtre à air accessible depuis le panneau arrière. Nettoyage de l'air utilisé par l'instrument pour le refroidissement.

## Recommandations à propos de l'eau de laboratoire

Utilisez toujours de l'eau de laboratoire ou de l'eau désionisée pour réaliser des procédures sur l'instrument. N'utilisez jamais d'eau courante. Utilisez exclusivement les eaux qui suivent ou des eaux de qualité équivalente :

- ▶ Eau désionisée
- ▶ PW1 d'Illumina
- ▶ Eau 18 mégohms (MΩ)
- ▶ Eau Milli-Q
- ▶ Eau Super-Q
- ▶ Eau de qualité biologie moléculaire

## Équipement

Élément	Source	Utilisation
Congélateur, de -15 °C à -25 °C, sans givre	Fournisseur de laboratoire général	Stockage de la cartouche
Seau d'eau glacé	Fournisseur de laboratoire général	Mise de côté des librairies
Réfrigérateur, de 2 °C à 8 °C	Fournisseur de laboratoire général	Stockage de la Flow Cell

# Chapitre 3 Séquençage

Introduction .....	16
Créer une analyse dans Local Run Manager .....	17
Créer une analyse avec le NCS .....	17
Préparer la cartouche de réactifs .....	17
Préparer la Flow Cell .....	18
Préparer des bibliothèques pour le séquençage .....	19
Configurer une analyse de séquençage .....	20
Surveiller la progression de l'analyse .....	27
Lavage automatique après analyse .....	28

## Introduction

Pour effectuer une analyse de séquençage sur l'instrument NextSeq 550, préparez une cartouche de réactifs et une Flow Cell. Suivez ensuite les invites du logiciel pour configurer et démarrer l'analyse. La génération d'amplifiats et le séquençage sont effectués sur instrument. Après l'analyse, le lavage de l'instrument commence automatiquement à l'aide des composants déjà chargés dans l'instrument.

## Génération d'amplifiats

Lors de la génération d'amplifiats, les molécules d'ADN uniques sont liées à la surface de la Flow Cell, puis subissent une amplification de façon à former des amplifiats.

## Séquençage

L'imagerie des amplifiats est réalisée par chimie de séquençage à deux canaux et combinaison de filtres propres à chacun des terminateurs de chaîne marqués par fluorescence. Lorsque l'imagerie d'une plaque sur la Flow Cell est terminée, le système passe à la plaque suivante. Ce processus se répète pour chaque cycle de séquençage. Après l'analyse des images, le logiciel définit les bases, les filtre et leur attribue un score de qualité.

Surveillez la progression de l'analyse et les statistiques aux emplacements suivants :

- ▶ l'interface du NCS;
- ▶ BaseSpace Sequence Hub;
- ▶ Local Run Manager;
- ▶ un ordinateur en réseau utilisant le logiciel Sequencing Analysis Viewer (SAV). Consultez la section *Sequencing Analysis Viewer*, à la page 28.

## Analyse

Pendant la progression de l'analyse, le logiciel de commande transfère automatiquement les fichiers de définition des bases (BCL) vers BaseSpace Sequence Hub, Local Run Manager ou un autre emplacement de sortie indiqué pour l'analyse secondaire.

Plusieurs méthodes d'analyse sont disponibles en fonction de votre application. Pour obtenir plus de renseignements, consultez l'*aide de BaseSpace* ou le *Guide du logiciel Local Run Manager* (document n° 100000002702).

## Durée de l'analyse de séquençage

La durée de l'analyse de séquençage dépend du nombre de cycles réalisés. La longueur d'analyse maximale correspond à une analyse à lecture appariée de 150 cycles par lecture ( $2 \times 150$ ), auxquels s'ajoutent jusqu'à dix cycles pour chacune des deux lectures d'index.

Pour connaître les prévisions de durée et autres spécifications du système, consultez la [page des spécifications du système NextSeq 550](#) sur le site Web d'Illumina.

## Nombre de cycles d'une lecture

Au cours d'une analyse de séquençage, une lecture comprend un cycle de plus que le nombre de cycles analysés. Par exemple, une analyse de 150 cycles à lecture appariée effectuée des lectures de 151 cycles ( $2 \times 151$ ), pour un total de 302 cycles. À la fin de l'analyse,  $2 \times 150$  cycles sont analysés. Le cycle supplémentaire est requis pour les calculs de mise en phase et en préphase.

## Créer une analyse dans Local Run Manager

Le processus de configuration des paramètres de l'analyse de séquençage et de l'analyse des données dans Local Run Manager varie en fonction du module de flux de travail d'analyse utilisé. Reportez-vous au guide du module de Local Run Manager pour obtenir les directives sur la façon de créer une analyse.

- 1 À l'écran d'accueil, sélectionnez **Edit Runs** (Modifier les analyses).
- 2 Sélectionnez **Create Run** (Créer l'analyse) dans le tableau de bord de Local Run Manager, puis choisissez un module d'analyse.
- 3 Entrez le nom de l'analyse et les échantillons de l'analyse, et au besoin, importez les fichiers de manifeste.
- 4 Enregistrez l'analyse et fermez la fenêtre du tableau de bord de Local Run Manager.

Pour créer une analyse dans le NCS sans l'aide du logiciel Local Run Manager, utilisez le mode d'analyse manuel. Consultez les sections *Créer une analyse avec le NCS*, à la page 17 et *Modes d'analyse*, à la page 20.

## Créer une analyse avec le NCS

Si vous créez une analyse avec le NCS (mode d'analyse manuel), les paramètres de l'analyse de séquençage et de l'analyse des données sont saisis immédiatement avant le chargement de la Flow Cell.

- 1 Revoyez les paramètres requis de l'analyse de séquençage et de l'analyse des données à la section *Saisir les paramètres de l'analyse de séquençage et de l'analyse des données dans le NCS (mode d'analyse manuel)*, à la page 22.
- 2 Déterminez immédiatement les paramètres de l'analyse de séquençage et de l'analyse des données pour éviter tout délai lorsque vous débuterez l'analyse de séquençage.

## Préparer la cartouche de réactifs

- 1 Retirez la cartouche de réactifs de son lieu de stockage entre  $-25$  et  $-15$  °C.
- 2 Décongelez dans un bain d'eau à température ambiante (environ 60 minutes). N'immergez pas la cartouche.
- 3 Tapotez doucement sur la paille pour éliminer l'eau de la base, puis séchez la base.



**[Autre méthode]** Décongelez les réactifs pendant la nuit à une température maintenue entre 2 et 8 °C. Il faut un minimum de 18 heures pour les décongeler. À cette température, les réactifs sont stables pendant une durée allant jusqu'à une semaine.

- 4 Retournez la cartouche cinq fois pour mélanger les réactifs.
- 5 Inspectez les positions 29, 30, 31 et 32 pour vérifier que les réactifs sont décongelés.
- 6 Tapotez doucement sur la paillasse pour réduire les bulles d'air.



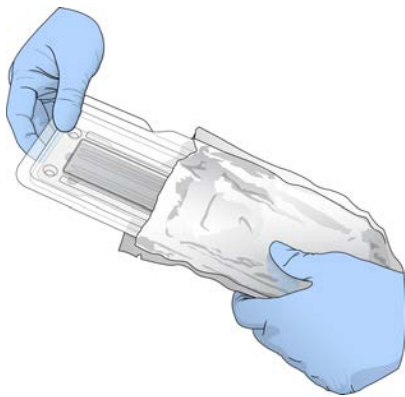
#### AVERTISSEMENT

Ce groupe de réactifs contient des produits chimiques potentiellement dangereux. Des risques de lésions corporelles peuvent survenir par inhalation, ingestion, contact avec la peau et contact avec les yeux. Portez un équipement de protection, y compris des lunettes, des gants et une blouse de laboratoire, adapté à l'exposition à ces risques. Traitez les réactifs usagés comme des déchets chimiques et éliminez-les conformément aux lois et règles régionales, nationales et locales en vigueur. Pour obtenir des renseignements supplémentaires sur l'environnement, la santé et la sécurité, consultez la fiche signalétique sur [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

## Préparer la Flow Cell

- 1 Sortez un nouvel emballage de Flow Cell du lieu de stockage à une température maintenue entre 2 et 8 °C.
- 2 Sortez la Flow Cell de son emballage en aluminium.

**Figure 10** Retirer de l'emballage en aluminium



- 3 Laissez l'emballage de la Flow Cell ouvert à température ambiante pendant 30 minutes.



#### REMARQUE

Si l'emballage en papier aluminium est intact, la Flow Cell peut rester à température ambiante durant 12 heures. Évitez les modifications de température répétées de la Flow Cell.

- 4 Ouvrez l'emballage double coque en plastique transparent et sortez la Flow Cell.

**Figure 11** Retirer de l'emballage double coque



- Nettoyez la surface en verre de la Flow Cell à l'aide d'une lingette alcoolisée non pelucheuse. Séchez le verre à l'aide d'un chiffon de laboratoire peu pelucheux.

## Préparer des bibliothèques pour le séquençage

Le volume et la concentration de chargement de la bibliothèque varient en fonction de la version du logiciel de commande NextSeq utilisée.

Version du logiciel de commande	Volume de la bibliothèque	Concentration de la bibliothèque
NCS v1.3 ou ultérieure	1,3 ml	1,8 pM
NCS v1.2 ou antérieure	3 ml	3 pM

## Dénaturer et diluer des bibliothèques

Dénaturez et diluez les bibliothèques au volume et à la concentration de chargement suivants :

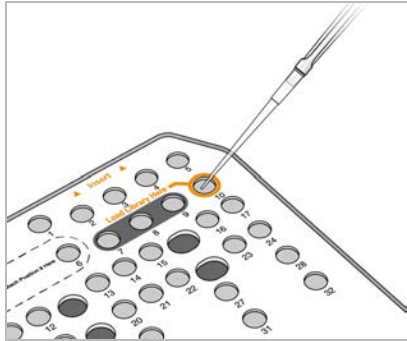
Type de trousse	Volume de chargement	Concentration de chargement
Débit élevé	1,3 ml	1,8 pM
Débit moyen	1,3 ml	1,5 pM

En pratique, la concentration de chargement peut varier selon les méthodes de préparation et de quantification des bibliothèques. Pour connaître les instructions, consultez le *Guide de dénaturation et de dilution des bibliothèques pour le système NextSeq (document n° 15048776)*.

## Chargement des bibliothèques sur la cartouche de réactifs

- Nettoyez l'opercule en aluminium recouvrant le réservoir n° 10 étiqueté **Load Library Here** (Charger la bibliothèque ici) à l'aide d'un tissu non pelucheux.
- Percez l'opercule avec une pointe de pipette propre de 1 ml.
- Chargez 1,3 ml de bibliothèque préparée à 1,8 pM dans le réservoir n° 10 étiqueté **Load Library Here** (Charger la bibliothèque ici). Évitez de toucher l'opercule en aluminium pendant le transfert du produit.

Figure 12 Charger les bibliothèques



## Configurer une analyse de séquençage

- 1 Sur l'écran d'accueil, sélectionnez **Experiment** (Expérience).
- 2 À l'écran Select Assay (Sélectionner le test), sélectionnez **Sequence** (Séquence).  
La commande Sequence (Séquence) ouvre la porte du compartiment d'imagerie, libère les consommables utilisés lors d'une analyse précédente et ouvre une série d'écrans de configuration de l'analyse. Un court délai est normal.

## Modes d'analyse

Lors de la configuration d'une analyse de séquençage, sélectionnez un des modes d'analyse suivants pour déterminer l'endroit où saisir les paramètres de l'analyse de séquençage et la façon d'analyser les données :

Mode d'analyse	Information sur l'analyse	Analyse des données*
Local Run Manager	Paramètres saisis dans Local Run Manager.	Le logiciel enregistre les données dans le dossier de sortie précisé pour l'analyse automatique dans Local Run Manager.
Mode manuel	Paramètres saisis dans le NCS.	Le logiciel enregistre les données dans le dossier de sortie précisé en vue d'une analyse ultérieure, hors instrument.

\* Pour les besoins de l'analyse, BaseSpace Sequence Hub peut être utilisé avec les deux modes. Lorsque le mode Local Run Manager est utilisé et que BaseSpace Sequence Hub est configuré, les deux logiciels analysent les données.

Local Run Manager est le mode d'analyse par défaut; il procure le flux de travail le plus simplifié. Vous créez et enregistrez les analyses dans Local Run Manager. L'information est alors envoyée au logiciel de commande; vous y sélectionnez une analyse et poursuivez la configuration de l'analyse. Après le séquençage, le logiciel Local Run Manager effectue automatiquement l'analyse des données. Des feuilles d'échantillons et des applications d'analyse distinctes ne sont pas nécessaires.



### REMARQUE

Local Run Manager n'est pas une fonction du logiciel de commande. C'est un logiciel intégré servant à l'enregistrement des échantillons pour le séquençage, à la précision des paramètres d'analyse et à l'analyse des données.

## BaseSpace Sequence Hub (facultatif)

Lors de la configuration d'une analyse de séquençage, vous pouvez sélectionner une des options suivantes de BaseSpace Sequence Hub :

Option	Description et exigences
<b>Run Monitoring and Storage</b> (Surveillance de l'analyse et stockage)	Envoyer les fichiers InterOp, les fichiers journaux et les données d'analyse à BaseSpace Sequence Hub pour la surveillance et l'analyse à distance. Requiert un compte BaseSpace Sequence Hub, une connexion Internet et une feuille d'échantillons.
<b>Run Monitoring Only</b> (Surveillance de l'analyse seulement)	Envoyer les fichiers InterOp et les fichiers journaux à BaseSpace Sequence Hub pour la surveillance à distance de l'analyse. C'est l'option par défaut. Requiert un compte BaseSpace Sequence Hub et une connexion Internet.

## Sélectionnez le mode d'analyse et BaseSpace Sequence Hub

- 1 Sur l'écran Run Setup (Configuration de l'analyse), sélectionnez un des modes d'analyse suivants :
  - ▶ Local Run Manager
  - ▶ Mode manuel
- 2 **[Facultatif]** Sélectionnez **Use BaseSpace Sequence Hub Setting** (Utiliser les paramètres de BaseSpace Sequence Hub) et sélectionnez l'une des options suivantes :
  - ▶ Run Monitoring and Storage (Surveillance de l'analyse et stockage)
  - ▶ Run Monitoring Only (Surveillance de l'analyse seulement)

Saisissez votre nom d'utilisateur et votre mot de passe BaseSpace Sequence Hub.  
Si vous y êtes invité, sélectionnez un groupe de travail sur lequel télécharger les données d'analyse. Vous y serez invité seulement si vous faites partie de plusieurs groupes de travail.
- 3 Sélectionnez **Next** (Suivant).

## Sélectionner l'analyse (mode d'analyse Local Run Manager)

- 1 Sélectionnez le nom d'une analyse dans la liste des analyses disponibles.  
Utilisez les flèches haut et bas pour faire défiler la liste ou saisissez le nom d'une analyse dans le champ de recherche.
- 2 Confirmez les paramètres de l'analyse.
  - ▶ **Run Name** (Nom de l'analyse) : le nom de l'analyse tel qu'attribué dans Local Run Manager.
  - ▶ **Library ID** (Identifiant de librairie) : le nom des librairies groupées tel qu'attribué dans Local Run Manager.
  - ▶ **Recipe** (Formule) : le nom de la formule, **NextSeq High** ou **NextSeq Mid**, en fonction de la cartouche de réactifs utilisée pour l'analyse.
  - ▶ **Read Type** (Type de lecture) : lecture unique ou appariée.
  - ▶ **Read Length** (Longueur de la lecture) : le nombre de cycles par lecture.
  - ▶ **[Facultatif]** Primers personnalisés, le cas échéant.
- 3 **[Facultatif]** Sélectionnez l'icône **d'édition** pour modifier les paramètres de l'analyse. Lorsque vous avez terminé, sélectionnez **Save** (Enregistrer).
  - ▶ **Run parameters** (Paramètres d'analyse) : modifier le nombre de lectures ou le nombre de cycles par lecture.
  - ▶ **Custom primers** (Primers personnalisés) : modifiez les réglages des primers personnalisés. Pour obtenir plus de renseignements, consultez le *Guide des primers personnalisés NextSeq (document n° 15057456)*.

- ▶ **Purge consommables for this run** (Éliminer les consommables pour cette analyse) : modifier ce paramètre pour que les consommables soient automatiquement éliminés après l'analyse en cours.

4 Sélectionnez **Next** (Suivant).

## Saisir les paramètres de l'analyse de séquençage et de l'analyse des données dans le NCS (mode d'analyse manuel)

- 1 Saisissez un nom d'analyse de votre choix.
- 2 **[Facultatif]** Saisissez l'identifiant de librairie de votre choix.
- 3 Sélectionnez une formule dans la liste déroulante **Recipe (Formule)**. Seules les formules compatibles sont répertoriées.
- 4 Sélectionnez un type de lecture, soit **lecture unique** ou **lecture appariée**.
- 5 Indiquez le nombre de cycles pour chaque lecture de l'analyse de séquençage.
  - ▶ **Read 1** (Lecture 1) : saisissez une valeur dans la limite de 151 cycles.
  - ▶ **Read 2** (Lecture 2) : saisissez une valeur dans la limite de 151 cycles. Cette valeur est généralement identique au nombre de cycles de la lecture 1.
  - ▶ **Index 1** : saisissez le nombre de cycles nécessaire pour le primer d'index 1 (i7).
  - ▶ **Index 2** : saisissez le nombre de cycles nécessaire pour le primer d'index 2 (i5).

Le logiciel de commande confirme vos saisies à l'aide des critères suivants :

  - ▶ Le nombre total de cycles ne dépasse pas le nombre total de cycles permis.
  - ▶ Les cycles de la lecture 1 sont supérieurs aux cinq cycles utilisés pour la génération du modèle.
  - ▶ Les cycles de lecture d'index ne dépassent pas les cycles de lecture 1 et de lecture 2.
- 6 **[Facultatif]** Si vous utilisez des primers personnalisés, cochez la case correspondant aux primers utilisés. Pour obtenir plus de renseignements, consultez le *Guide des primers personnalisés NextSeq (document n° 15057456)*.
  - ▶ **Read 1** (Lecture 1) : primer personnalisé pour la lecture 1.
  - ▶ **Read 2** (Lecture 2) : primer personnalisé pour la lecture 2.
  - ▶ **Index 1** : primer personnalisé pour l'index 1.
  - ▶ **Index 2** : primer personnalisé pour l'index 2.
- 7 Définir l'emplacement du dossier de sortie pour l'analyse en cours. Sélectionnez **Browse** (Parcourir) pour atteindre un emplacement réseau.

Pour obtenir des renseignements relatifs aux exigences du dossier de sortie, consultez la section *Paramétrage de l'emplacement du dossier de sortie*, à la page 58.
- 8 Sélectionnez **Browse** (Parcourir) pour sélectionner une feuille d'échantillons.

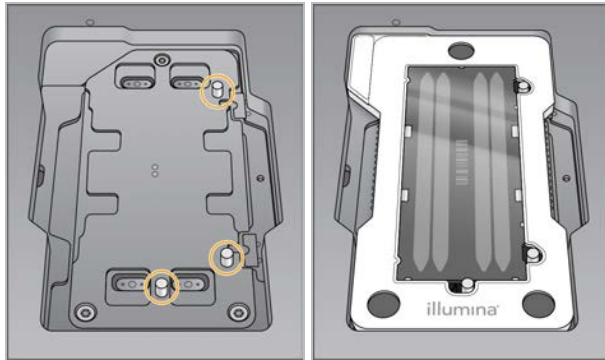
Une feuille d'échantillons est requise lorsque le système est configuré en mode manuel avec la surveillance d'analyse et le stockage dans BaseSpace Sequence Hub.
- 9 Sélectionnez **Purge consommables for this run** (Purger les consommables pour cette analyse).

Le système purge automatiquement les consommables après l'analyse en cours.
- 10 Sélectionnez **Next** (Suivant).
- 11 **[Facultatif]** Sélectionnez l'icône d'édition pour modifier les paramètres de l'analyse.
- 12 Sélectionnez **Next** (Suivant).

## Chargement de la Flow Cell

- 1 Retirez la Flow Cell de l'analyse précédente.
- 2 Alignez la Flow Cell sur les broches d'alignement et placez-la sur la platine.

**Figure 13** Chargement de la Flow Cell



- 3 Sélectionnez **Load** (Charger).  
La porte se ferme automatiquement, l'identifiant de la Flow Cell s'affiche à l'écran et les capteurs sont activés.
- 4 Sélectionnez **Next** (Suivant).

## Vider le réservoir à réactifs usagés

- 1 Retirez le réservoir à réactifs usagés et jetez son contenu conformément aux normes en vigueur.

**Figure 14** Retirer le réservoir à réactifs usagés



### REMARQUE

Placez votre autre main sous le contenant lorsque vous le retirez afin de le soutenir.

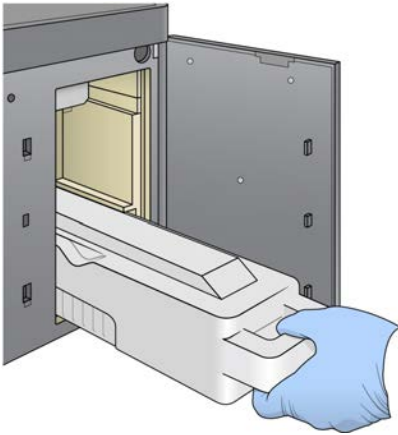


### AVERTISSEMENT

Ce groupe de réactifs contient des produits chimiques potentiellement dangereux. Des risques de lésions corporelles peuvent survenir par inhalation, ingestion, contact avec la peau et contact avec les yeux. Portez un équipement de protection, y compris des lunettes, des gants et une blouse de laboratoire, adapté à l'exposition à ces risques. Traitez les réactifs usagés comme des déchets chimiques et éliminez-les conformément aux lois et règles régionales, nationales et locales en vigueur. Pour obtenir des renseignements supplémentaires sur l'environnement, la santé et la sécurité, consultez la fiche signalétique sur [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

- 2 Faites glisser le réservoir à réactifs usagés vide dans le compartiment de tampon jusqu'à la butée. Un déclic indique que le contenant est en place.

Figure 15 Charger le réservoir à réactifs usagés vide



## Charger la cartouche de tampon

- 1 Retirez la cartouche de tampon usagée du compartiment supérieur.
- 2 Glissez une nouvelle cartouche de tampon dans le compartiment de tampon jusqu'à la butée. Un déclic indique que la cartouche est en position, l'identifiant de la cartouche de tampon s'affiche à l'écran et le capteur est activé.

Figure 16 Charger la cartouche de tampon



- 3 Fermez la porte du compartiment de tampon et sélectionnez **Next** (Suivant).

## Charger la cartouche de réactifs

- 1 Retirez la cartouche de réactifs usagée du compartiment de réactifs. Mettez les contenus inutilisés au rebut conformément aux normes en vigueur.



### AVERTISSEMENT

Ce groupe de réactifs contient des produits chimiques potentiellement dangereux. Des risques de lésions corporelles peuvent survenir par inhalation, ingestion, contact avec la peau et contact avec les yeux. Portez un équipement de protection, y compris des lunettes, des gants et une blouse de laboratoire, adapté à l'exposition à ces risques. Traitez les réactifs usagés comme des déchets chimiques et éliminez-les conformément aux lois et règles régionales, nationales et locales en vigueur. Pour obtenir des renseignements supplémentaires sur l'environnement, la santé et la sécurité, consultez la fiche signalétique sur [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

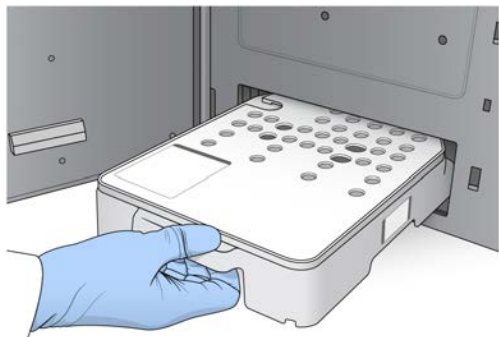


### REMARQUE

Le réservoir à la position 6 est amovible pour faciliter la mise au rebut en toute sécurité des réactifs inutilisés. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Retirer le réservoir usagé de la position n°6*, à la page 26.

- 2 Faites glisser la cartouche de réactifs dans le compartiment de réactifs jusqu'à ce qu'elle s'arrête, puis refermez la porte du compartiment de réactifs.

Figure 17 Charger la cartouche de réactifs



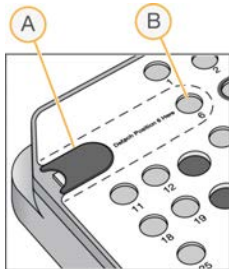
- 3 Sélectionnez **Load** (Charger).  
Le logiciel positionne automatiquement la cartouche (environ 30 secondes), l'identifiant de la cartouche de réactifs s'affiche à l'écran et les capteurs sont activés.
- 4 Sélectionnez **Next** (Suivant).



## Retirer le réservoir usagé de la position n° 6

- 1 Après avoir retiré la cartouche de réactifs **usagés** de l'instrument, retirez le couvercle de protection en caoutchouc recouvrant la fente à côté de la position n° 6.

**Figure 18** Position n° 6 amovible



- A Couvercle de protection en caoutchouc
- B Position n° 6

- 2 Appuyez sur l'onglet en plastique transparent, puis poussez vers la gauche pour éjecter le réservoir.
- 3 Mettez le réservoir au rebut conformément aux normes de sécurité en vigueur.

## Passer en revue la vérification automatique

Le logiciel effectue une vérification automatisée du système. Pendant la vérification, les indicateurs suivants apparaissent à l'écran :

- ▶ **Crochet** 🔄 **gris** : la vérification n'a pas été encore effectuée.
- ▶  **Icône** 🔄  **de progression** : la vérification est en cours.
- ▶ **Crochet** ✅ **vert** : la vérification a réussi.
- ▶ **✘ rouge** : la vérification a échoué. Pour tous les éléments qui n'ont pas réussi la vérification, une action est nécessaire avant que vous puissiez continuer. Consultez la section *Résoudre les erreurs relevées par les vérifications automatiques*, à la page 46.

Pour interrompre une vérification automatisée en cours, sélectionnez l'icône 🛑, située dans le coin inférieur droit. Pour redémarrer la vérification, sélectionnez l'icône 🔄. La vérification reprend à la première vérification incomplète ou non conforme.

Pour afficher les résultats de chaque vérification dans une catégorie, cliquez sur l'icône 📄 de déploiement de la catégorie.

### REMARQUE

Lorsque vous effectuez la première analyse de séquençage avec NCS v4.0 ou une version ultérieure, il est normal que l'enregistrement de la Flow Cell prenne plus de 15 minutes pendant la vérification automatique du système.

## Démarrer l'analyse

Une fois la vérification automatique terminée, sélectionnez **Start** (Démarrer). L'analyse de séquençage commence.

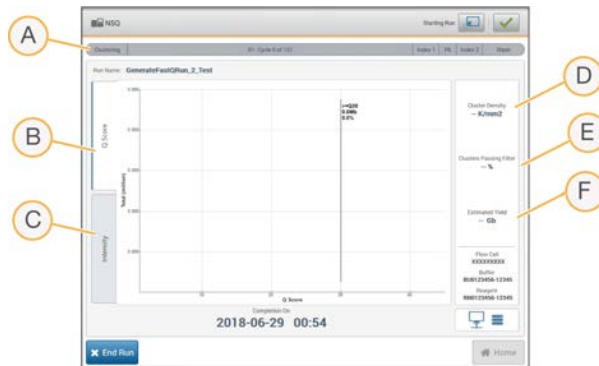
Pour configurer le système afin de démarrer automatiquement l'analyse après une vérification réussie,

consultez la section *Configurer les options de configuration de l'analyse*, à la page 13.

## Surveiller la progression de l'analyse

- 1 Surveillez la progression, les intensités et les scores de qualité de l'analyse à mesure que les indicateurs s'affichent à l'écran.

**Figure 19** Progression et indicateurs de l'analyse de séquençage



- A **Run progress** (Progression de l'analyse) : indique l'étape en cours et le nombre de cycles réalisés pour chaque lecture. La barre de progression n'est pas proportionnelle à la durée d'analyse de chaque étape. Utilisez le temps restant dans le coin supérieur droit pour déterminer la durée exacte.
- B **Q-Score** (Score de qualité) : indique la répartition des scores de qualité. Consultez la section *Notation de la qualité*, à la page 64.
- C **Intensity** (Intensité) : indique la valeur des intensités d'amplifiats du 90<sup>e</sup> percentile pour chaque plaque. Les couleurs du tracé indiquent chaque base : A est rouge, C, vert, G, bleu, et T, noir. Les couleurs correspondent aux indicateurs de base dans le logiciel Sequencing Analysis Viewer (SAV).
- D **Cluster Density (K/mm<sup>2</sup>)** (Densité des amplifiats [K/mm<sup>2</sup>]) : indique le nombre d'amplifiats détectés pour l'analyse.
- E **Clusters Passing Filter (%)** (Amplifiats passant le filtre [%]) : indique le pourcentage d'amplifiats passant le filtre. Consultez la section *Amplifiats passant le filtre*, à la page 63.
- F **Estimated Yield (Gb)** (Estimation de rendement [Gb]) : indique le nombre de bases prévues pour l'analyse.



### REMARQUE

Après avoir sélectionné Home (Accueil), il est impossible de revenir en arrière pour afficher les indicateurs de l'analyse. Toutefois, les indicateurs de l'analyse sont accessibles sur BaseSpace Sequence Hub ou à partir d'un ordinateur autonome à l'aide du logiciel Sequencing Analysis Viewer (SAV).













## Cycles des indicateurs de l'analyse

Les indicateurs de l'analyse apparaissent à différents moments au cours de l'analyse.

- ▶ Aucun indicateur ne s'affiche au cours des étapes de génération d'amplifiats.
- ▶ Les cinq premiers cycles sont réservés à la génération du modèle.
- ▶ Les indicateurs de l'analyse apparaissent après le cycle 25, notamment la densité des amplifiats, les amplifiats passant par le filtre (PF), le rendement et les scores de qualité.

## Transfert des données

Selon la configuration d'analyse sélectionnée, une icône apparaît sur l'écran pendant l'analyse pour indiquer l'état du transfert des données.

État	Local Run Manager	Dossier de sortie	BaseSpace Sequence Hub d'Illumina
Connecté			
Connecté, transfert des données en cours			
Déconnecté			
Désactivé			

Si le transfert des données est interrompu en cours d'analyse, les données sont stockées temporairement sur l'ordinateur de l'instrument. Une fois la connexion rétablie, le transfert des données reprend automatiquement. Si la connexion n'est pas rétablie avant la fin de l'analyse, supprimez manuellement les données de l'ordinateur de l'instrument manuellement avant le lancement d'une nouvelle analyse.

## Universal Copy Service

La suite logicielle du système NextSeq comporte Universal Copy Service. RTA v2 demande au service de copier des fichiers situés à un emplacement source vers un emplacement de destination; et le service traite les demandes de copie dans l'ordre d'arrivée. Si une exception survient, le fichier est remis en file d'attente de copie en fonction du nombre de fichiers présents dans la file d'attente.

## Sequencing Analysis Viewer

Le logiciel Sequencing Analysis Viewer affiche des indicateurs de séquençage générés au cours de l'analyse. Les indicateurs s'affichent sous forme de diagrammes, de graphiques et de tableaux qui s'appuient sur des données générées par le logiciel RTA et écrits sur des fichiers InterOp. Les indicateurs sont mis à jour pendant la progression de l'analyse. Sélectionnez **Refresh** (Rafraîchir) à tout moment au cours de l'analyse pour afficher les indicateurs mis à jour. Pour obtenir plus de renseignements, consultez le *Guide de l'utilisateur du logiciel Sequencing Analysis Viewer* (n° 15020619).

Le logiciel Sequencing Analysis Viewer fait partie des logiciels installés sur l'ordinateur de l'instrument. Vous pouvez aussi installer le logiciel Sequencing Analysis Viewer sur un autre ordinateur associé au même réseau que l'instrument pour surveiller les indicateurs d'analyse à distance.

## Lavage automatique après analyse

Lorsque l'analyse de séquençage est terminée, le logiciel lance un lavage automatique après analyse. Le lavage après analyse utilise une solution contenue dans la cartouche de tampon et du NaOCl contenu dans la cartouche de réactifs.

Le lavage automatique après analyse prend environ 90 minutes. Une fois le lavage terminé, le **bouton Home** (Accueil) devient actif. Les résultats du séquençage restent visibles à l'écran pendant le lavage.

## Après le lavage

Après le lavage, laissez les dispositifs d'aspiration en position basse afin d'empêcher l'air d'entrer dans le système. Laissez les cartouches en place jusqu'à l'analyse suivante.

# Chapitre 4 Balayage

Introduction .....	30
Télécharger le dossier DMAP .....	31
Charger la puce BeadChip dans l'adaptateur .....	32
Configurer un balayage .....	32
Surveiller la progression du balayage .....	35

## Introduction

Pour effectuer un balayage sur le NextSeq 550, les composants d'analyse suivants sont nécessaires :

- ▶ Une puce BeadChip hybridée et marquée
- ▶ L'adaptateur de puce BeadChip réutilisable
- ▶ Des fichiers de carte de décodage (DMAP) correspondant à la puce BeadChip que vous utilisez
- ▶ Un fichier de manifeste correspondant à la puce BeadChip que vous utilisez
- ▶ Un fichier de groupement correspondant à la puce BeadChip que vous utilisez

Les fichiers de sortie sont générés lors du balayage puis mis en file d'attente pour un transfert vers le dossier de sortie spécifié.

Effectuez l'analyse à l'aide du logiciel BlueFuse Multi, qui nécessite que les données de balayage soient disponibles au format de fichier de typage génotypique (GTC). Par défaut, le NextSeq 550 génère des données normalisées et les définitions de génotype qui y sont associées dans un fichier au format GTC. Si vous le souhaitez, vous pouvez configurer l'instrument afin de générer des fichiers de données d'intensité (IDAT) supplémentaires. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Configuration des balayages de la puce BeadChip*, à la page 58.

## Decode File Client

Le dossier DMAP contient des renseignements permettant d'identifier l'emplacement des billes sur la puce BeadChip et de quantifier le signal associé à chaque bille. Un dossier DMAP unique existe pour chaque code à barres de puce BeadChip.

L'utilitaire Decode File Client vous permet de télécharger des dossiers DMAP directement depuis les serveurs d'Illumina à l'aide d'un protocole HTTP standard.

Pour accéder à Decode File Client, consultez la [page d'aide Decode File Client](#) sur le [site Web](#) d'Illumina. Installez le Decode File Client sur un ordinateur ayant accès à l'emplacement réseau du dossier DMAP.

Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Télécharger le dossier DMAP*, à la page 31.

## Fichiers de manifeste et fichiers de groupement

Pour chaque puce BeadChip, le logiciel requiert un accès à un fichier de manifeste et à un fichier de groupement. Chaque fichier de manifeste et de groupement est unique au type de puce BeadChip. Vérifiez que vous utilisez les fichiers de groupement dont le nom de fichier contient NS550. Ces fichiers sont compatibles avec le système NextSeq.

- ▶ **Fichier de manifeste** : les fichiers de manifeste décrivent le SNP ou le contenu de la sonde sur une puce BeadChip. Les fichiers de manifeste utilisent le format de fichier BPM.
- ▶ **Fichiers de groupement** : les fichiers de groupement décrivent les positions des amplifiats pour la puce à ADN de génotypage d'Illumina et sont utilisés lors de l'analyse de données pour effectuer le typage génotypique. Les fichiers de groupement utilisent le format de fichier EGT.

L'emplacement des fichiers est défini dans l'écran BeadChip Scan Configuration (Configuration des balayages de la puce BeadChip). Depuis l'écran d'accueil du logiciel de commande NextSeq Control Software (NCS), sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument), **System Configuration** (Configuration du système), puis **BeadChip Scan Configuration** (Configuration des balayages de la puce BeadChip).

Lorsque l'instrument NextSeq 550 est installé, le représentant d'Illumina télécharge ces fichiers et indique le chemin dans le logiciel de commande. Il n'est pas nécessaire de modifier ces fichiers, sauf en cas de perte ou de disponibilité d'une mise à jour. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Remplacer les fichiers de manifeste et les fichiers de groupement*, à la page 53.

## Télécharger le dossier DMAP

Le dossier DMAP est accessible à l'aide du Decode File Client par compte ou puce BeadChip (affichage par défaut).

### Accéder au dossier DMAP par compte

- 1 Depuis l'onglet principal du Decode File Client, sélectionnez une option de téléchargement :
  - ▶ AutoPilot (Pilote automatique)
  - ▶ All BeadChips not yet downloaded (Toutes les puces BeadChip non encore téléchargées)
  - ▶ All BeadChips (Toutes les puces BeadChip)
  - ▶ BeadChips by Purchase Order (Puces BeadChip par bon de commande)
  - ▶ BeadChips by barcode (Puces BeadChip par code à barres)
- 2 Saisissez les renseignements requis.
- 3 Localisez le dossier DMAP que vous souhaitez télécharger.
- 4 Vérifiez que vous disposez d'assez d'espace libre dans l'emplacement de téléchargement.
- 5 Lancez le téléchargement. Consultez l'état du téléchargement sur l'onglet Download Status and Log (État et journal de téléchargement).
- 6 Enregistrez le dossier DMAP vers l'emplacement du dossier DMAP spécifié.

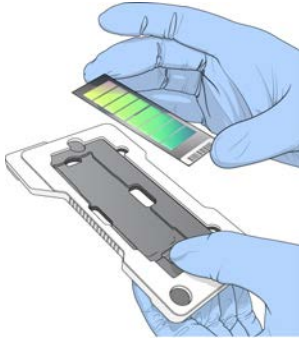
### Accéder au dossier DMAP par puce BeadChip

- 1 Identifiez les puces BeadChip à l'aide de deux des options suivantes :
  - ▶ BeadChip barcode (Code à barres de la puce BeadChip)
  - ▶ BeadChips box ID (Identifiant de boîte de la puce BeadChip)
  - ▶ Purchase order number (Numéro de bon de commande - achat)
  - ▶ Sales order number (Numéro de bon de commande - vente)
- 2 Localisez le dossier DMAP que vous souhaitez télécharger.
- 3 Vérifiez que vous disposez d'assez d'espace libre dans l'emplacement de téléchargement.
- 4 Lancez le téléchargement. Consultez l'état du téléchargement sur l'onglet Download Status and Log (État et journal de téléchargement).
- 5 Enregistrez le dossier DMAP vers l'emplacement du dossier DMAP spécifié.

## Charger la puce BeadChip dans l'adaptateur

- 1 Appuyez sur la pince de maintien de l'adaptateur. La pince s'incline légèrement vers l'arrière et s'ouvre.
- 2 En tenant la puce BeadChip par les bords, positionnez-la avec le code à barres près de la pince de maintien et placez-la dans l'étagère encastrée de l'adaptateur.

Figure 20 Charger la puce BeadChip dans l'adaptateur



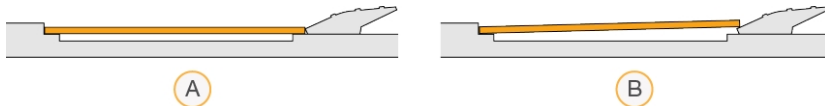
- 3 En utilisant l'une des ouvertures présentes sur les côtés de la puce BeadChip, assurez-vous que celle-ci est fixée dans l'étagère encastrée de l'adaptateur.

Figure 21 Positionner et fixer la puce BeadChip



- 4 Relâchez doucement la pince de maintien pour fixer la puce BeadChip.
- 5 Inspectez la puce BeadChip en l'observant de côté pour vous assurer qu'elle est à plat sur l'adaptateur. Repositionnez la puce BeadChip si nécessaire.

Figure 22 Inspecter la position de la puce BeadChip



- A Bon positionnement : la puce BeadChip est à plat sur l'adaptateur lorsque vous relâchez la pince.  
B Mauvais positionnement : la puce BeadChip n'est pas à plat lorsque vous relâchez la pince.

## Configurer un balayage

- 1 Sur l'écran d'accueil, cliquez sur **Experiment** (Expérience), puis sélectionnez **Scan** (Balayage). La commande Scan (Balayage) ouvre la porte du compartiment d'imagerie, libère les consommables utilisés lors d'une analyse précédente s'ils sont présents, et ouvre une série d'écrans de configuration du balayage. Un court délai est normal.

## Décharger les consommables de séquençage

Si des consommables de séquençage usagés sont présents lorsque vous configurez un balayage, le logiciel vous invite à décharger la cartouche de réactifs et la cartouche de tampon avant de passer à l'étape suivante.

- 1 Si vous y êtes invité, retirez les consommables de séquençage usagés provenant d'une analyse de séquençage précédente.
  - a Retirez la cartouche de réactifs du compartiment de réactifs. Mettez les contenus inutilisés au rebut conformément aux normes en vigueur.
  - b Retirez la cartouche de tampon usagée du compartiment de tampon.



### AVERTISSEMENT

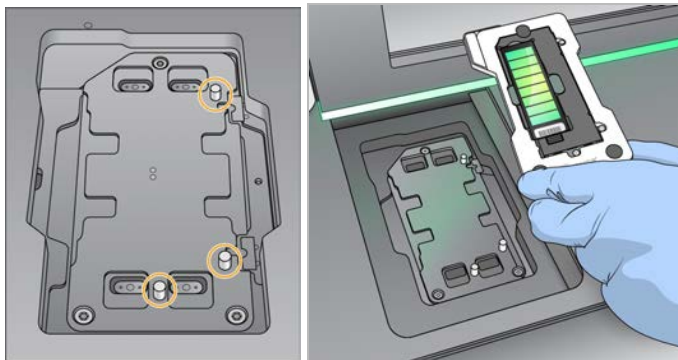
Ce groupe de réactifs contient des produits chimiques potentiellement dangereux. Des risques de lésions corporelles peuvent survenir par inhalation, ingestion, contact avec la peau et contact avec les yeux. Portez un équipement de protection, y compris des lunettes, des gants et une blouse de laboratoire, adapté à l'exposition à ces risques. Traitez les réactifs usagés comme des déchets chimiques et éliminez-les conformément aux lois et règles régionales, nationales et locales en vigueur. Pour obtenir des renseignements supplémentaires sur l'environnement, la santé et la sécurité, consultez la fiche signalétique sur [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

- 2 Fermez les portes du compartiment de réactifs et du compartiment de tampon.

## Charger l'adaptateur de puce BeadChip

- 1 Positionnez l'adaptateur de puce BeadChip sur la platine à l'aide des broches d'alignement.

Figure 23 Charger l'adaptateur de puce BeadChip



- 2 Sélectionnez **Load** (Charger).

La porte se ferme automatiquement, l'identifiant de la puce BeadChip s'affiche à l'écran et les capteurs sont vérifiés. Un court délai est normal. Si le code à barres de la puce BeadChip ne peut pas être lu, une boîte de dialogue s'affiche. Elle vous permet d'entrer manuellement le code à barres. Consultez la section *Le logiciel ne peut pas lire le code à barres de la puce BeadChip*, à la page 51.
- 3 Sélectionnez **Next** (Suivant).








## Configuration du balayage


- Sur l'écran Scan Setup (Configuration du balayage), confirmez les informations suivantes :
  - ▶ **Barcode** (Code à barres) : le logiciel lit le code à barres de la puce BeadChip lorsque celle-ci est chargée. Si le code à barres est saisi manuellement, le bouton Edit (Modifier) apparaît afin de permettre des modifications.
  - ▶ **Type** : le champ du type de puce BeadChip est généré automatiquement en fonction du code à barres de la puce BeadChip.
  - ▶ **DMAP Location** (Emplacement DMAP) : l'emplacement du dossier DMAP est défini à l'écran BeadChip Scan Configuration (Configuration des balayages de la puce BeadChip). Pour changer l'emplacement du balayage actuel uniquement, sélectionnez **Browse** (Parcourir), puis rendez-vous à l'emplacement correct.
  - ▶ **Output Location** (Emplacement de sortie) : l'emplacement de sortie est défini à l'écran BeadChip Scan Configuration (Configuration des balayages de la puce BeadChip). Pour changer l'emplacement du balayage actuel uniquement, sélectionnez **Browse** (Parcourir), puis rendez-vous à l'emplacement souhaité.
- Sélectionnez **Next** (Suivant).

## Passer en revue la vérification automatique

Le logiciel effectue une vérification automatisée du système. Pendant la vérification, les indicateurs suivants apparaissent à l'écran :

- ▶ **Crochet**  **gris** : la vérification n'a pas été encore effectuée.
- ▶  **Icône**  **de progression** : la vérification est en cours.
- ▶ **Crochet**  **vert** : la vérification a réussi.
- ▶ **✘ rouge** : la vérification a échoué. Pour tous les éléments qui n'ont pas réussi la vérification, une action est nécessaire avant que vous puissiez continuer. Consultez la section *Résoudre les erreurs relevées par les vérifications automatiques, à la page 46*.

Pour interrompre une vérification automatisée en cours, sélectionnez l'icône , située dans le coin inférieur droit. Pour redémarrer la vérification, sélectionnez l'icône . La vérification reprend à la première vérification incomplète ou non conforme.

Pour afficher les résultats de chaque vérification dans une catégorie, cliquez sur l'icône  de déploiement de la catégorie.



### REMARQUE

Lorsque vous effectuez la première analyse de séquençage avec NCS v4.0 ou une version ultérieure, il est normal que l'enregistrement de la Flow Cell prenne plus de 15 minutes pendant la vérification automatique du système.

## Démarrer le balayage

Une fois la vérification automatique terminée, sélectionnez **Start** (Démarrer). Le balayage commence.

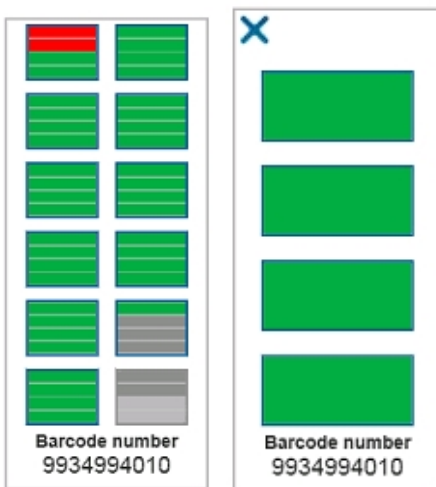
Pour configurer le système afin de démarrer automatiquement le balayage après une vérification réussie, consultez la section *Configurer les options de configuration de l'analyse, à la page 13*.

## Surveiller la progression du balayage

- 1 Surveillez la progression du balayage grâce à l'image générée par la puce BeadChip. Chaque couleur qui se trouve sur l'image indique l'état du balayage.
  - ▶ **Gris clair** : balayage non effectué.
  - ▶ **Gris foncé** : balayage effectué, mais non enregistré.
  - ▶ **Vert** : balayage effectué et enregistré avec succès.
  - ▶ **Rouge** : échec du balayage et de l'enregistrement.

En cas d'échec de l'enregistrement, vous pouvez balayer à nouveau les échantillons comprenant des sections dont le balayage a échoué. Consultez la section *Échec du balayage de la puce BeadChip*, à la page 52.
- 2 Sélectionnez l'image de la puce BeadChip pour basculer entre la vue complète et la vue détaillée d'un échantillon sélectionné.
  - ▶ La vue complète affiche les échantillons sur la puce BeadChip et les sections au sein de chaque échantillon.
  - ▶ La vue détaillée affiche chaque section au sein de l'échantillon sélectionné.

**Figure 24** Image de la puce BeadChip : vue complète et vue détaillée



### REMARQUE

L'arrêt d'un balayage est définitif. Si vous mettez fin au balayage avant qu'il ne soit terminé, les données de balayage ne sont *pas* enregistrées.

## Transfert des données

Les données sont mises en file d'attente pour un transfert vers le dossier de sortie de balayage une fois le balayage terminé. Les données sont temporairement écrites sur l'ordinateur de l'instrument. Le dossier temporaire est automatiquement supprimé de l'ordinateur de l'instrument lorsqu'un balayage ultérieur est lancé.

La durée nécessaire au transfert des données dépend de votre connexion réseau. Avant de lancer un balayage ultérieur, vérifiez que les données ont été écrites dans le dossier de sortie. Pour ce faire, vérifiez que des fichiers GTC sont présents dans le dossier du code à barres. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Structure du dossier de sortie de balayage*, à la page 70.

Si la connexion est interrompue, le transfert des données se poursuit automatiquement lorsqu'elle est rétablie.

# Chapitre 5 Maintenance

Introduction .....	37
Effectuer un lavage manuel .....	37
Remplacer le filtre à air .....	40
Mises à jour logicielles .....	41
Arrêt de l'instrument .....	43

## Introduction

Les procédures d'entretien comprennent des lavages manuels de l'instrument, le remplacement du filtre à air, ainsi que les éventuelles mises à jour des logiciels du système.

- ▶ **Lavages de l'instrument** : un lavage automatique après chaque analyse de séquençage permet d'optimiser les performances de l'instrument. Toutefois, il est nécessaire d'effectuer régulièrement un lavage manuel dans certaines conditions. Consultez la section *Effectuer un lavage manuel*, à la page 37.
- ▶ **Mises à jour logicielles** : lorsqu'une nouvelle version du logiciel du système est disponible, vous pouvez l'installer automatiquement à l'aide de l'une des deux méthodes suivantes :
  - ▶ en vous connectant à BaseSpace Sequence Hub;
  - ▶ manuellement, après avoir téléchargé le programme d'installation disponible sur le site Web d'Illumina. Consultez la section *Mises à jour logicielles*, à la page 41.
- ▶ **Remplacement du filtre à air** : le remplacement régulier du filtre à air accessible depuis le panneau arrière assure une bonne circulation de l'air dans l'instrument muni d'un tel filtre.

## Maintenance préventive

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

## Effectuer un lavage manuel

Les lavages manuels sont initiés depuis l'écran d'accueil. Les options de lavage comprennent Quick Wash (Lavage rapide) et Manual Post-Run Wash (Lavage manuel après analyse).

Types de lavage	Description
<b>Quick Wash (Lavage rapide)</b> <b>Durée : 20 minutes</b>	Rince le système avec une solution de lavage fournie par l'utilisateur composée d'eau de laboratoire et de Tween 20 (cartouche de lavage du tampon). <ul style="list-style-type: none"><li>• Nécessaire pour chaque période de 14 jours d'inactivité de l'instrument avec une cartouche de réactifs et une cartouche de tampon en place.</li><li>• Doit être effectué tous les sept jours lorsque l'instrument est sec (cartouche de réactifs et cartouche de tampon retirées).</li><li>• Nécessaire après un arrêt.</li></ul>
<b>Manual Post-Run Wash (Lavage manuel après analyse)</b> <b>Durée : 90 minutes</b>	Rince le système avec une solution de lavage fournie par l'utilisateur composée d'eau de laboratoire, de Tween 20 (cartouche de lavage du tampon) et d'hypochlorite de sodium à 0,12 % (cartouche de lavage des réactifs). Nécessaire lorsque le lavage automatique après analyse n'a pas été effectué.

Un lavage manuel nécessite l'utilisation de la cartouche de lavage des réactifs et de la cartouche de lavage du tampon qui sont fournies avec l'instrument, ainsi que d'une Flow Cell usagée. Une Flow Cell usagée peut être utilisée jusqu'à 20 fois pour des lavages de l'instrument.

Figure 25 Cartouche de lavage des réactifs et cartouche de lavage du tampon d'origine.

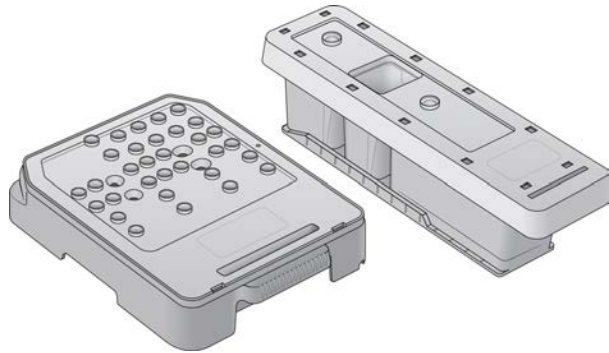
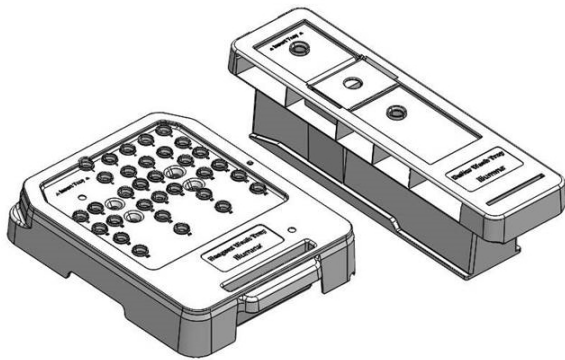


Figure 26 Nouvelle cartouche de lavage des réactifs et nouvelle cartouche de lavage du tampon.



## Préparer un lavage manuel après analyse

Consommables fournis par l'utilisateur	Volume et description
<ul style="list-style-type: none"> <li>• NaOCl</li> </ul>	1 ml, dilution à 0,12 % Chargé dans la cartouche de lavage de réactifs (position n° 28)
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Tween 20 à 100 %</li> <li>• Eau de laboratoire</li> </ul>	Utilisée pour préparer une solution de lavage Tween 20 à 0,05 % de 125 ml Chargée dans la cartouche de lavage du tampon (réservoir central)

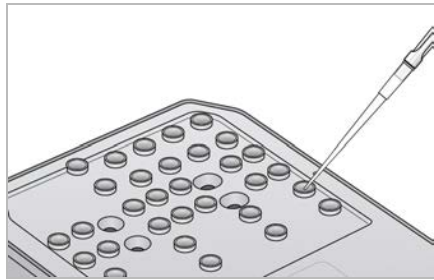


### REMARQUE

Utilisez toujours une nouvelle dilution de NaOCl préparée au cours des **24 dernières heures**. Si vous préparez un volume supérieur à 1 ml, stockez la dilution restante entre 2 et 8 °C pour une utilisation dans les 24 heures suivantes. Sinon, jetez la dilution de NaOCl restante.

- Mélangez les volumes suivants dans un microtube à centrifuger pour obtenir une solution de 1 ml de NaOCl à 0,12 % :
  - ▶ NaOCl à 5 % (24 µl)
  - ▶ Eau de laboratoire (976 µl)
- Retournez le tube pour mélanger.
- Ajoutez 1 ml de NaOCl à 0,12 % à la cartouche de lavage des réactifs. Le réservoir approprié est équivalent à la position n° 28 de la cartouche préremplie.

Figure 27 Charger le NaOCl



- 4 Combinez les volumes suivants afin d'obtenir une solution de lavage de Tween 20 à 0,05 % :  
 Cartouche de lavage du tampon d'origine
  - ▶ Tween 20 à 100 % (62 µl)
  - ▶ Eau de laboratoire (125 ml)
  - ▶ Ajoutez 125 ml de solution de lavage dans le réservoir central de la cartouche de lavage du tampon.
 Nouvelle cartouche de lavage du tampon
  - ▶ Tween 20 à 100 % (75 µl)
  - ▶ Eau de laboratoire (150 ml)
  - ▶ Ajoutez 150 ml de solution de lavage dans le réservoir central de la cartouche de lavage du tampon.
- 5 Sélectionnez **Perform Wash** (Procéder au lavage), puis sélectionnez **Manual Post-Run Wash** (Lavage manuel après analyse).

## Préparer un lavage rapide

Consommables fournis par l'utilisateur	Volume et description
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Tween 20 à 100 %</li> <li>• Eau de laboratoire</li> </ul>	Utilisée pour préparer une solution de lavage Tween 20 à 0,05 % de 40 ml Chargée dans la cartouche de lavage du tampon (réservoir central)

- 1 Combinez les volumes suivants afin d'obtenir une solution de lavage de Tween 20 à 0,05 % :
  - ▶ Tween 20 à 100 % (20 µl)
  - ▶ Eau de laboratoire (40 ml)
- 2 Ajoutez 40 ml de solution de lavage dans le réservoir central de la cartouche de lavage du tampon.
- 3 Sélectionnez **Perform Wash** (Procéder au lavage), puis sélectionnez **Quick Wash** (Lavage rapide).

## Charger une Flow Cell usagée et les cartouches de lavage

- 1 En l'absence de Flow Cell usagée, chargez une Flow Cell usagée. Sélectionnez **Load** (Charger), puis **Next** (Suivant).

- 2 Retirez le réservoir à réactifs usagés et jetez son contenu conformément aux normes en vigueur.



#### AVERTISSEMENT

Ce groupe de réactifs contient des produits chimiques potentiellement dangereux. Des risques de lésions corporelles peuvent survenir par inhalation, ingestion, contact avec la peau et contact avec les yeux. Portez un équipement de protection, y compris des lunettes, des gants et une blouse de laboratoire, adapté à l'exposition à ces risques. Traitez les réactifs usagés comme des déchets chimiques et éliminez-les conformément aux lois et règles régionales, nationales et locales en vigueur. Pour obtenir des renseignements supplémentaires sur l'environnement, la santé et la sécurité, consultez la fiche signalétique sur [support.illumina.com/sds.html](https://support.illumina.com/sds.html).

- 3 Faites glisser le réservoir à réactifs usagés vide dans le compartiment de tampon jusqu'à la butée.
- 4 Retirez la cartouche de tampon usagée de la précédente analyse, le cas échéant.
- 5 Chargez la cartouche de lavage du tampon contenant la solution de lavage.
- 6 Retirez la cartouche de réactifs usagée de la précédente analyse, le cas échéant.
- 7 Chargez la cartouche de lavage des réactifs.
- 8 Sélectionnez **Next** (Suivant). La vérification avant lavage démarre automatiquement.

## Démarrer le lavage

- 1 Sélectionnez **Start** (Démarrer).
- 2 Une fois le lavage terminé, sélectionnez **Home** (Accueil).

## Après le lavage

Après le lavage, laissez les dispositifs d'aspiration en position basse afin d'empêcher l'air d'entrer dans le système. Laissez les cartouches en place jusqu'à l'analyse suivante.

## Remplacer le filtre à air

Les nouveaux systèmes sont livrés avec trois filtres à air de rechange. Ils doivent être stockés et utilisés lorsque l'instrument génère une invite indiquant qu'il faut changer le filtre.

Pour les instruments avec un filtre à air accessible depuis le panneau arrière, le filtre à air assure la circulation de l'air dans l'instrument. Le logiciel affiche un message demandant de changer le filtre à air tous les 90 jours. Lorsqu'on vous le demande, sélectionnez **Remind in 1 day** (Rappeler dans 1 jour) ou suivez la procédure suivante et sélectionnez **Filter Changed** (Filtre changé). Le compte à rebours de 90 jours recommence après la sélection de l'option **Filter Changed** (Filtre changé).

- 1 Retirez le nouveau filtre à air de l'emballage et inscrivez la date de son installation sur le cadre du filtre.
- 2 À l'arrière de l'instrument, appuyez sur le dessus du plateau du filtre pour libérer le plateau.
- 3 Saisissez le haut du plateau du filtre et tirez vers le haut pour soulever complètement le plateau hors de l'instrument.
- 4 Retirez l'ancien filtre à air et mettez-le au rebut.
- 5 Insérez le nouveau filtre à air dans le plateau.

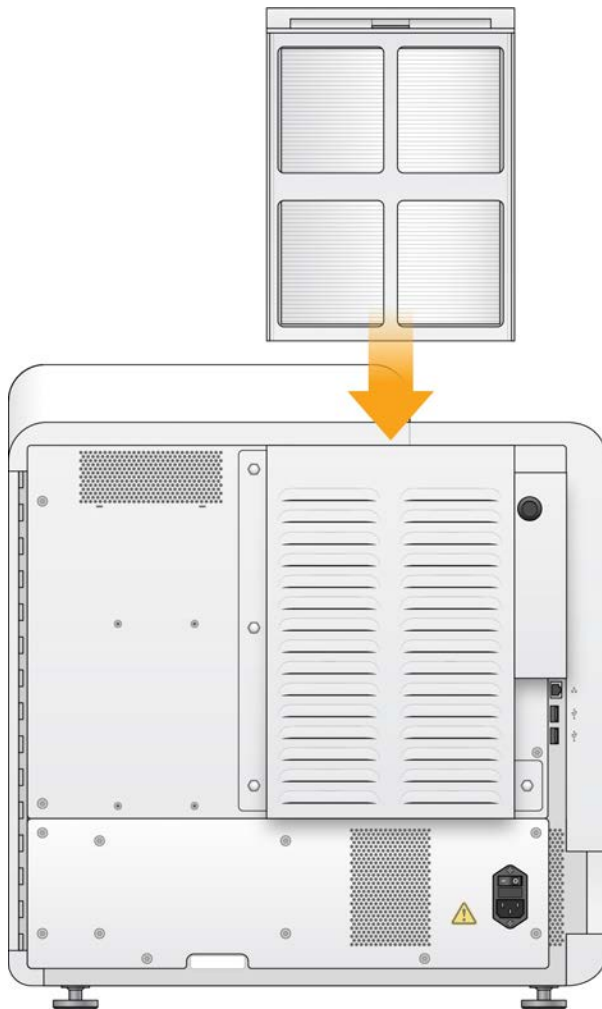


### REMARQUE

Le filtre à air ne fonctionnera pas correctement s'il est à l'envers. Assurez-vous d'insérer le filtre à air dans le plateau de façon à voir la flèche verte indiquant Up (Haut) et à ne pas voir l'étiquette de mise en garde. La flèche doit pointer vers la poignée du plateau du filtre.

- 6 Glissez le plateau du filtre à air dans l'instrument. Appuyez sur le dessus du filtre jusqu'à ce qu'il s'enclenche dans la bonne position.

Figure 28 Insertion du filtre à air



## Mises à jour logicielles


Les mises à jour logicielles font partie d'une suite logicielle appelée System Suite, qui comprend les logiciels suivants :

- ▶ Logiciel de commande NextSeq Control Software (NCS)
- ▶ Formules du système NextSeq
- ▶ Logiciel Local Run Manager
- ▶ RTA2



- ▶ Logiciel de service NextSeq (NSS)
- ▶ Universal Copy Service
- ▶ Contrôleur d'accès direct à la mémoire (DMA)

Vous pouvez installer des mises à jour logicielles automatiquement si vous disposez d'une connexion Internet ou manuellement à partir d'un emplacement réseau ou USB.

- ▶ **Mises à jour automatiques** : si l'instrument est connecté à un réseau doté d'un accès à Internet, une icône d'alerte  s'affiche sur le bouton Manage Instrument (Gérer l'instrument) situé à l'écran d'accueil lorsqu'une mise à jour est disponible.
- ▶ **Mises à jour manuelles** : téléchargez le programme d'installation System Suite à la [page d'assistance du système NextSeq 550](#), sur le site Web d'Illumina. Si vous prévoyez effectuer une mise à jour manuelle, assurez-vous de la compléter avant de préparer les échantillons et les consommables pour l'analyse de séquençage.

## Mise à jour automatique des logiciels

- 1 Sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **Software Update** (Mise à jour logicielle).
- 3 Sélectionnez **Install the update already downloaded from BaseSpace** (Installer la mise à jour déjà téléchargée à partir de BaseSpace).
- 4 Sélectionnez **Update** (Mise à jour) pour commencer la mise à jour. Une boîte de dialogue apparaît pour la confirmation de la commande.
- 5 Suivez les invites de l'assistant d'installation :
  - a Acceptez l'accord de licence.
  - b Lisez les notes de mise à jour.
  - c Consultez la liste des logiciels inclus dans la mise à jour.

Le logiciel de commande redémarre automatiquement une fois la mise à jour logicielle effectuée.



### REMARQUE

Un redémarrage automatique du système est nécessaire après toute mise à jour du micrologiciel.

## Mise à jour manuelle des logiciels

- 1 Téléchargez le programme d'installation System Suite sur le site Web d'Illumina et enregistrez-le dans un emplacement réseau.  
Vous pouvez également copier le fichier d'installation des logiciels sur une clé USB.
- 2 Sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 3 Sélectionnez **Software Update** (Mise à jour logicielle).
- 4 Sélectionnez **Manually install the update from the following location** (Installer manuellement la mise à jour à partir de l'emplacement suivant).
- 5 Sélectionnez **Browse** (Parcourir) pour accéder à l'emplacement du fichier d'installation du logiciel, puis sélectionnez **Update** (Mettre à jour).

- 6 Suivez les invites de l'assistant d'installation :
  - a Acceptez l'accord de licence.
  - b Lisez les notes de mise à jour.
  - c Consultez la liste des logiciels inclus dans la mise à jour.

Le logiciel de commande redémarre automatiquement une fois la mise à jour logicielle effectuée.



#### REMARQUE

Un redémarrage automatique du système est nécessaire après toute mise à jour du micrologiciel.

## Arrêt de l'instrument

- 1 Sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).



#### REMARQUE

Pour arrêter l'instrument NextSeq 550Dx en mode recherche, consultez la section *Options de redémarrage et d'arrêt de l'instrument NextSeq 550Dx*, à la page 73.

- 2 Sélectionnez **Shutdown Options** (Options d'arrêt).
- 3 Sélectionnez **Shutdown** (Arrêter).

La commande d'arrêt ferme le logiciel de manière sûre et coupe l'alimentation de l'instrument. Attendez au moins 60 secondes avant de mettre à nouveau en marche l'instrument.



#### ATTENTION

**Ne déplacez pas** l'instrument. Un déplacement inapproprié de l'instrument peut avoir un impact sur l'alignement optique et compromettre l'intégrité des données. Si vous devez déplacer l'instrument, communiquez avec votre représentant Illumina.

# Annexe A Dépannage

Introduction .....	44
Fichiers de dépannage .....	44
Résoudre les erreurs relevées par les vérifications automatiques .....	46
Réservoir à réactifs usagés plein .....	49
Flux de travail de réhybridation .....	49
Erreurs de puce BeadChip et de balayage .....	51
Formules personnalisées et dossiers de formules .....	53
Vérification du système .....	53
Message d'erreur RAID .....	56
Erreur de stockage réseau .....	56
Configuration des paramètres du système .....	56

## Introduction

En cas de questions techniques, consultez les pages d'assistance du NextSeq 550 sur le site Web d'Illumina. Les pages d'assistance fournissent un accès à la documentation, aux téléchargements et aux foires aux questions.

Connectez-vous à votre compte MyIllumina pour accéder aux bulletins d'assistance.

En cas de problème de qualité d'analyse ou de performances, communiquez avec l'assistance technique d'Illumina. Consultez la section *Assistance technique*, à la page 79.

Il est possible de partager un lien vers le résumé d'analyse dans BaseSpace Sequence Hub avec l'assistance technique d'Illumina pour faciliter le dépannage. Vous pouvez aussi aider au dépannage lorsque le service de surveillance Illumina Proactive est activé. Pour obtenir plus de renseignements sur ce service, consultez la section *Configurer l'option d'envoyer les données sur la performance de l'instrument*, à la page 13.

## Fichiers de dépannage

Un représentant de l'assistance technique d'Illumina peut vous demander de fournir des copies des fichiers propres à une analyse ou à un balayage en particulier afin de résoudre les problèmes. Les fichiers suivants sont généralement utilisés pour le dépannage.

### Fichiers de dépannage pour les analyses de séquençage

Fichier clé	Sous-fichier	Description
Fichier de renseignements sur l'analyse (RunInfo.xml)	<Run folder name>	Comprend les renseignements suivants : <ul style="list-style-type: none"><li>• Nom de l'analyse</li><li>• Nombre de cycles de l'analyse</li><li>• Nombre de cycles dans chaque lecture</li><li>• Lecture indexée ou non</li><li>• Nombre de stries et de plaques sur la Flow Cell</li></ul>
Fichier des paramètres de l'analyse (RunParameters.xml)	<Run folder name>	Contient des renseignements concernant les paramètres et les composants des analyses. Parmi les renseignements figurent la RFID, le numéro de série, la référence et la date de péremption.

Fichier clé	Sous-fichier	Description
Fichiers de configuration RTA (RTAConfiguration.xml)	Data\Intensities	Comprend les paramètres de configuration RTA pour l'analyse. Le fichier RTAConfiguration.xml est créé au début de l'analyse.
Fichiers InterOp (*.bin)	InterOp	Les fichiers binaires sont utilisés pour le logiciel Sequencing Analysis Viewer. Les fichiers InterOp sont mis à jour tout au long de l'analyse.
Fichiers journaux	Journaux	Les fichiers journaux décrivent chaque étape effectuée par l'instrument au cours de chaque cycle et répertorient les versions de logiciels et de progiciels utilisées lors de l'analyse. Le fichier nommé [NomInstrument]_CurrentHardware.csv répertorie les numéros de série des composants de l'instrument.
Fichiers journaux des erreurs (*ErrorLog*.txt)	Journaux RTA	Journal des erreurs RTA. Les fichiers journaux des erreurs sont mis à jour à chaque fois qu'une erreur se produit.
Fichiers journaux globaux (*GlobalLog*.tsv)	Journaux RTA	Journal de tous les événements RTA. Les fichiers journaux globaux sont mis à jour tout au long de l'analyse.
Fichiers journaux des lignes (*LaneLog*.txt)	Journaux RTA	Journal des événements RTA en cours. Les fichiers journaux des lignes sont mis à jour tout au long de l'analyse.

## Erreurs RTA

Pour résoudre les problèmes RTA, vérifiez d'abord le journal des erreurs RTA stocké dans le dossier RTALogs. Ce fichier n'est pas présent pour les analyses réussies. Les fichiers sont situés dans des dossiers spécifiques à l'analyse du dossier de sortie. Joignez le journal des erreurs lors du signalement des problèmes à l'assistance technique d'Illumina.

## Fichiers de dépannage pour les balayages des puces à ADN

Fichier clé	Sous-fichier	Description
Fichier des paramètres du balayage (ScanParameters.xml)	<Run folder name>	Contient des renseignements sur les paramètres du balayage. Parmi ces renseignements figurent la date du balayage, le code à barres de la puce BeadChip, l'emplacement du fichier de groupement et l'emplacement du fichier de manifeste.
Fichiers journaux	Journaux	Les fichiers journaux décrivent chaque étape effectuée sur l'instrument lors du balayage.

Fichier clé	Sous-fichier	Description
Fichiers d'indicateurs	[Code à barres]	Les indicateurs sont fournis sous forme d'indicateurs d'échantillon et d'indicateurs de section. <b>[code à barres]_sample_metrics.csv</b> : pour chaque échantillon et chaque canal (rouge et vert), répertorie les paramètres Percent Off Image (Pourcentage hors image), Percent Outliers (Pourcentage de points aberrants), P05, P50, P95, Avg FWHM Avg (Moyenne de FWHM), FWHM Stddev (Écart-type de FWHM) et Min Registration Score (Score minimal d'enregistrement). <b>[code à barres]_section_metrics.csv</b> : pour chaque section et plaque, répertorie les paramètres Laser Z-position (Position Z du laser), Through Focus Z-position (Position Z de la mise au point), Red FWHM (FWHM, rouge), Green FWHM (FWHM, vert), Red Avg Pixel Intensity (Intensité moyenne des pixels, rouge), Green Avg Pixel Intensity (Intensité moyenne des pixels, vert), Red Registration Score (Score d'enregistrement, rouge), et Green Registration Score (Score d'enregistrement, vert).
Fichier de nouveau balayage	[Code à barres]	<b>[code à barres]_rescan.flowcell</b> : répertorie les emplacements des plaques ajustés pour un nouveau balayage, qui comprennent un chevauchement plus élevé entre les plaques.

## Résoudre les erreurs relevées par les vérifications automatiques

Si les vérifications automatiques relèvent une erreur, utilisez les recommandations d'action suivantes pour résoudre l'erreur. Les vérifications automatiques du séquençage et celles des balayages de puce à ADN ne sont pas les mêmes.

Cependant, les RFID de la cartouche de tampon, de la cartouche de réactifs et de la Flow Cell seront verrouillées durant l'initialisation du logiciel de commande, ce qui pourrait être nécessaire pour résoudre une erreur. L'utilisateur doit retirer la Flow Cell, la cartouche de réactifs et la cartouche de tampon de l'instrument avant le redémarrage du système. De plus, les RFID des consommables sont verrouillées une fois que les opercules en aluminium sont percés.

Vérifications du système	Action recommandée
Doors Closed (Portes fermées)	Assurez-vous que les portes des compartiments sont fermées.
Consumables Loaded (Consommables chargés)	Les capteurs des consommables n'enregistrent rien. Assurez-vous que chaque consommable est correctement chargé. Sur les écrans de configuration de l'analyse, sélectionnez <b>Back</b> (Retour) pour retourner à l'étape de chargement, puis recommencez la configuration de l'analyse.
Required Software (Logiciel requis)	Des composants essentiels du logiciel sont manquants. Effectuez une mise à jour manuelle pour restaurer tous les composants du logiciel.
Instrument Disk Space (Espace disque de l'instrument)	Le disque dur de l'instrument n'a pas assez d'espace disponible pour réaliser l'analyse. Il est possible que les données provenant d'une analyse précédente n'aient pas été transférées. Effacez les données de l'analyse du disque dur de l'instrument.
Network Connection (Connexion réseau)	La connexion réseau a été interrompue. Vérifiez l'état du réseau et la connexion au réseau physique.
Network Disk Space (Espace disque réseau)	Soit le compte BaseSpace est plein, soit le serveur réseau est plein.

Température	Action recommandée
Temperature (Température)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Temperature Sensors (Capteurs de température)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Fans (Ventilateurs)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Système d'imagerie	Action recommandée
Imaging Limits (Limites de l'imagerie)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Z Steps-and-Settle (Étapes et installation Z)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Bit Error Rate (Taux d'erreur binaire)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Flow Cell Registration (Enregistrement de la Flow Cell)	<p>Il est possible que la Flow Cell ne soit pas correctement positionnée.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Sur l'écran Run Setup (Configuration de l'analyse), sélectionnez <b>Back</b> (Retour) pour retourner à l'étape de la Flow Cell. La porte du compartiment d'imagerie s'ouvre.</li> <li>• Déchargez et rechargez la Flow Cell pour vous assurer qu'elle est correctement positionnée.</li> </ul>
Distribution des réactifs	Action recommandée
Valve Response (Réponse de la valve)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Pump (Pompe)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Buffer Mechanism (Mécanisme du tampon)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Spent Reagents Empty (Réactifs usagés vides)	Videz le réservoir à réactifs usagés et rechargez le réservoir vide.

## Vérifications des analyses de séquençage

Si une vérification avant analyse échoue, la RFID de la cartouche de réactifs n'est pas verrouillée et peut être utilisée pour une nouvelle analyse. Cependant, la RFID est verrouillée une fois que les opercules en aluminium sont percés.

Vérifications du système	Action recommandée
Doors Closed (Portes fermées)	Assurez-vous que les portes des compartiments sont fermées.
Consumables Loaded (Consommables chargés)	<p>Les capteurs des consommables n'enregistrent rien. Assurez-vous que chaque consommable est correctement chargé.</p> <p>Sur les écrans de configuration de l'analyse, sélectionnez <b>Back</b> (Retour) pour retourner à l'étape de chargement, puis recommencez la configuration de l'analyse.</p>
Required Software (Logiciel requis)	<p>Des composants essentiels du logiciel sont manquants.</p> <p>Effectuez une mise à jour manuelle pour restaurer tous les composants du logiciel.</p>
Instrument Disk Space (Espace disque de l'instrument)	<p>Le disque dur de l'instrument n'a pas assez d'espace disponible pour réaliser l'analyse.</p> <p>Il est possible que les données provenant d'une analyse précédente n'aient pas été transférées.</p> <p>Effacez les données de l'analyse du disque dur de l'instrument.</p>
Network Connection (Connexion réseau)	La connexion réseau a été interrompue. Vérifiez l'état du réseau et la connexion au réseau physique.

Vérifications du système	Action recommandée
Network Disk Space (Espace disque réseau)	Soit le compte BaseSpace est plein, soit le serveur réseau est plein.
Température	Action recommandée
Temperature (Température)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Temperature Sensors (Capteurs de température)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Fans (Ventilateurs)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Système d'imagerie	Action recommandée
Imaging Limits (Limites de l'imagerie)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Z Steps-and-Settle (Étapes et installation Z)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Bit Error Rate (Taux d'erreur binaire)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Flow Cell Registration (Enregistrement de la Flow Cell)	<p>Il est possible que la Flow Cell ne soit pas correctement positionnée.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Sur l'écran Run Setup (Configuration de l'analyse), sélectionnez <b>Back</b> (Retour) pour retourner à l'étape de la Flow Cell. La porte du compartiment d'imagerie s'ouvre.</li> <li>• Déchargez et rechargez la Flow Cell pour vous assurer qu'elle est correctement positionnée.</li> </ul>
Distribution des réactifs	Action recommandée
Valve Response (Réponse de la valve)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Pump (Pompe)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Buffer Mechanism (Mécanisme du tampon)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Spent Reagents Empty (Réactifs usagés vides)	Videz le réservoir à réactifs usagés et rechargez le réservoir vide.

## Vérifications des balayages de puce à ADN

Vérifications du système	Action recommandée
Doors Closed (Portes fermées)	Assurez-vous que les portes des compartiments sont fermées.
Consumables Loaded (Consommables chargés)	<p>Les capteurs des consommables n'enregistrent rien. Assurez-vous que chaque consommable est correctement chargé.</p> <p>Sur les écrans de configuration de l'analyse, sélectionnez <b>Back</b> (Retour) pour retourner à l'étape de chargement, puis recommencez la configuration de l'analyse.</p>
Required Software (Logiciel requis)	<p>Des composants essentiels du logiciel sont manquants.</p> <p>Effectuez une mise à jour manuelle pour restaurer tous les composants du logiciel.</p>
Verify Input Files (Vérifier les fichiers d'entrée)	Vérifiez que le chemin du fichier de groupement et du fichier de manifeste est correct et que les fichiers sont présents.

Vérifications du système	Action recommandée
Instrument Disk Space (Espace disque de l'instrument)	Le disque dur de l'instrument n'a pas assez d'espace disponible pour réaliser l'analyse. Il est possible que les données provenant d'une analyse précédente n'aient pas été transférées. Effacez les données de l'analyse du disque dur de l'instrument.
Network Connection (Connexion réseau)	La connexion réseau a été interrompue. Vérifiez l'état du réseau et la connexion au réseau physique.
Network Disk Space (Espace disque réseau)	Soit le compte BaseSpace est plein, soit le serveur réseau est plein.

Système d'imagerie	Action recommandée
Imaging Limits (Limites de l'imagerie)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Z Steps-and-Settle (Étapes et installation Z)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Bit Error Rate (Taux d'erreur binaire)	Communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.
Auto-Center (Centrage automatique)	Déchargez l'adaptateur de puce BeadChip. Vérifiez que la puce BeadChip est fixée dans l'adaptateur, puis rechargez l'adaptateur.

## Réservoir à réactifs usagés plein

Commencez toujours une analyse avec un réservoir à réactifs usagés vide.

Si vous commencez une analyse sans avoir vidé le réservoir des réactifs usagés, les capteurs du système poussent le logiciel à interrompre l'analyse lorsque le réservoir est plein. Les capteurs du système ne peuvent pas interrompre une analyse durant la génération d'amplifiats, la resynthèse des paires de bases ou le lavage automatique après analyse.

Lorsque l'analyse s'interrompt, une boîte de dialogue s'ouvre et propose à l'utilisateur de soulever les dispositifs d'aspiration et de vider le réservoir plein.

## Vider le réservoir des réactifs usagés

- 1 Sélectionnez **Raise Sippers** (Soulever les dispositifs d'aspiration).
- 2 Retirez le réservoir à réactifs usagés et jetez le contenu de manière appropriée.
- 3 Remettez le réservoir vide dans le compartiment de tampon.
- 4 Sélectionnez **Continue** (Continuer). L'analyse reprend automatiquement.

## Flux de travail de réhybridation

Une analyse de réhybridation peut être nécessaire si les indicateurs générés au cours des quelques premiers cycles montrent des intensités inférieures à 2 500. On s'attend à ce que certaines librairies à faible diversité aient des intensités inférieures à 1 000, ce qui ne peut être résolu par une réhybridation.



### REMARQUE

L'utilisation de la commande End Run (Terminer l'analyse) est définitive. L'analyse ne peut pas reprendre, les consommables ne peuvent pas être réutilisés et les données de séquençage de l'analyse ne sont pas enregistrées.



Lorsque vous arrêtez une analyse, le logiciel effectue les étapes suivantes avant de terminer l'analyse :

- ▶ Il place la Flow Cell en état de sécurité.
- ▶ Il déverrouille la RFID de la Flow Cell pour une future analyse.
- ▶ Il attribue une date de péremption de réhybridation à la Flow Cell.
- ▶ Il écrit les journaux de l'analyse pour les cycles terminés. Un délai est normal.
- ▶ Il ignore le lavage automatique après analyse.

Lorsque vous démarrez une analyse de réhybridation, le logiciel effectue les étapes d'analyse suivantes :

- ▶ Il crée un dossier d'analyse basé sur le nom unique de l'analyse.
- ▶ Il vérifie que la date de réhybridation de la Flow Cell n'est pas arrivée à expiration.
- ▶ Il amorce les réactifs. Un délai est normal.
- ▶ Il ignore l'étape de génération d'amplifiats.
- ▶ Il retire le primer de lecture 1 précédent.
- ▶ Il hybride un nouveau primer de lecture 1.
- ▶ Il continue la lecture 1 et le reste de l'analyse selon les paramètres de l'analyse spécifiés.

## À quel moment arrêter une analyse pour réhybridation

Une réhybridation ultérieure n'est possible que si vous arrêtez l'analyse aux moments suivants :

- ▶ **Après le cycle 5** : les intensités apparaissent après l'enregistrement du modèle, qui nécessite les cinq premiers cycles du séquençage. Bien qu'il soit sûr d'arrêter l'analyse après le cycle 1, il est recommandé d'attendre la fin du cycle 5. N'arrêtez pas une analyse au cours de la génération d'amplifiats.
- ▶ **Lecture 1 ou lecture d'index 1** : arrêtez l'analyse *avant* que ne commence la resynthèse des paires de bases appariées. La Flow Cell ne peut pas être enregistrée pour une réhybridation ultérieure après le début de la resynthèse appariée.

## Consommables requis

Une analyse de réhybridation nécessite une nouvelle cartouche de tampon et une nouvelle cartouche de réactifs NextSeq, quel que soit le moment d'arrêt de l'analyse.

## Arrêter l'analyse en cours

- 1 Sélectionnez **End Run** (Terminer l'analyse). Lorsque vous êtes invité à confirmer la commande, sélectionnez **Yes** (Oui).
- 2 Lorsque vous êtes invité à enregistrer la Flow Cell, sélectionnez **Yes** (Oui). L'enregistrement de la Flow Cell ne garantit pas que l'analyse en cours soit récupérable. Notez la date de péremption pour la réhybridation.
- 3 Retirez la Flow Cell enregistrée et placez-la à une température comprise entre 2 °C et 8 °C jusqu'à ce que vous soyez prêt à configurer l'analyse de réhybridation.



### REMARQUE

Vous pouvez stocker la Flow Cell jusqu'à sept jours à une température comprise entre 2 °C et 8 °C dans un étui de protection à rabat en plastique **sans** l'emballage dessiccant. Pour de meilleurs résultats, réhybridez la Flow Cell enregistrée dans les trois jours.

## Effectuer un lavage manuel

- 1 À l'écran d'accueil, sélectionnez **Perform Wash** (Procéder au lavage).
- 2 Sur l'écran Wash Selection (Sélection du lavage), sélectionnez **Manual Post-Run Wash** (Lavage manuel après analyse). Consultez la section *Effectuer un lavage manuel*, à la page 37.



### REMARQUE

Si vous n'avez pas retiré la cartouche de réactifs et la cartouche de tampon de l'analyse arrêtée, vous pouvez les utiliser pour le lavage manuel. Sinon, effectuez le lavage manuel à l'aide de la cartouche de lavage des réactifs et de la cartouche de lavage du tampon.

## Configurer une analyse sur l'instrument

- 1 Préparez une nouvelle cartouche de réactifs.
- 2 Si la Flow Cell enregistrée a été stockée, placez-la de façon à ce qu'elle atteigne la température ambiante (15 à 30 minutes).
- 3 Nettoyez et chargez la Flow Cell enregistrée.
- 4 Retirez le réservoir à réactifs usagés et jetez le contenu de façon appropriée, puis rechargez le réservoir vide.
- 5 Sur l'écran Run Setup (Configuration de l'analyse), sélectionnez un des modes d'analyse suivants :
  - ▶ Local Run Manager
  - ▶ Mode manuel
- 6 **[Facultatif]** Sélectionnez **Use BaseSpace Sequence Hub Setting** (Utiliser les paramètres de BaseSpace Sequence Hub) et sélectionnez l'une des options suivantes :
  - ▶ Run Monitoring and Storage (Surveillance de l'analyse et stockage)
  - ▶ Run Monitoring Only (Surveillance de l'analyse seulement)Saisissez votre nom d'utilisateur et votre mot de passe BaseSpace Sequence Hub.
- 7 Chargez la nouvelle cartouche de tampon et la nouvelle cartouche de réactifs.
- 8 Sélectionnez **Next** (Suivant) pour effectuer une vérification avant analyse, puis démarrez l'analyse.

## Erreurs de puce BeadChip et de balayage

### Le logiciel ne peut pas lire le code à barres de la puce BeadChip

Lorsque la boîte de dialogue d'erreur de code à barres apparaît, sélectionnez une option parmi les suivantes :

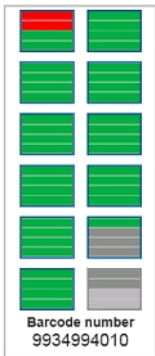
- ▶ Sélectionnez **Rescan** (Nouveau balayage). Le logiciel tente à nouveau de lire le code à barres.
- ▶ Sélectionnez le champ de texte et saisissez le code à barres numérique tel qu'affiché dans l'image. En fonction de la puce Beadchip, les numéros de code à barres peuvent comporter jusqu'à 12 chiffres. Sélectionnez **Save** (Enregistrer). L'image du code à barres est enregistrée dans le dossier de sortie.
- ▶ Sélectionnez **Cancel** (Annuler). La porte du compartiment d'imagerie s'ouvre afin de décharger l'adaptateur de puce BeadChip.

## Échec du balayage de la puce BeadChip

Les images sont enregistrées après leur numérisation. L'enregistrement identifie les billes en mettant en corrélation leur emplacement dans l'image numérisée et les renseignements fournis par le dossier de bille référencée, ou DMAP.

Les sections dont l'enregistrement a échoué sont indiquées en rouge sur l'image de la puce BeadChip.

**Figure 29** Puce BeadChip affichant des sections échouées



Une fois le balayage terminé et les données de balayage écrites dans le dossier de sortie, le bouton Rescan (Nouveau balayage) est activé.

Lorsque le bouton Rescan (Nouveau balayage) est sélectionné, le logiciel effectue les étapes suivantes :

- ▶ Exécution d'un nouveau balayage des échantillons qui comportent des sections échouées avec un chevauchement entre plaques plus élevé.
- ▶ Génération des fichiers de sortie dans le dossier de sortie original.
- ▶ Écrasement des fichiers de sortie précédents pour les sections échouées.
- ▶ Incrémentation du compteur de balayage d'une unité pour chaque nouveau balayage, mais en arrière-plan. Le logiciel ne renomme pas le dossier de sortie.

## Commencer ou renouveler un balayage

- 1 Sélectionnez **Rescan** (Nouveau balayage) pour effectuer un balayage des échantillons comportant des sections ayant échoué.
- 2 Si le balayage échoue toujours, mettez fin au balayage.
- 3 Retirez la puce BeadChip et l'adaptateur, puis inspectez la puce BeadChip à la recherche de poussière et de débris. Utilisez de l'air en canette ou toute autre méthode de nettoyage à air comprimé pour éliminer les débris.

- 4 Rechargez la puce BeadChip et lancez un nouveau balayage.

Lorsqu'un nouveau balayage est lancé, le logiciel effectue les étapes suivantes :

- ▶ Balayage de la totalité de la puce BeadChip.
- ▶ Génération des fichiers de sortie dans un nouveau dossier de sortie.
- ▶ Incrémentation du compteur de balayage d'une unité en fonction du décompte de balayages du dernier balayage.

## Remplacer les fichiers de manifeste et les fichiers de groupement

- 1 Consultez la [page d'aide](#) d'Illumina correspondant à la puce BeadChip que vous utilisez, puis cliquez sur l'onglet **Downloads** (Téléchargements).
- 2 Téléchargez les fichiers à remplacer ou à mettre à jour, puis copiez les fichiers vers l'emplacement réseau de votre choix.



### REMARQUE

Assurez-vous de sélectionner des fichiers de manifeste et des fichiers de groupement compatibles avec le système NextSeq 550. Les fichiers compatibles contiennent **NS550** dans leur nom de fichier.

- 3 Uniquement dans les cas où l'emplacement a changé, mettez l'emplacement à jour sur l'écran BeadChip Scan Configuration (Configuration des balayages de la puce BeadChip) de la manière suivante :
  - a Sur l'écran d'accueil du logiciel de commande NextSeq Control Software (NCS), sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
  - b Sélectionnez **System Configuration** (Configuration du système).
  - c Sélectionnez **BeadChip Scan Configuration** (Configuration des balayages de la puce BeadChip).
- 4 Sélectionnez **Browse** (Parcourir) puis accédez à l'emplacement des fichiers remplacés ou mis à jour.

## Formules personnalisées et dossiers de formules

Ne modifiez pas les formules d'origine. Enregistrez toujours la formule d'origine sous un nouveau nom. Si une formule originale est modifiée, l'utilitaire de mise à jour du logiciel ne peut plus reconnaître la formule pour les mises à jour ultérieures et les versions plus récentes ne sont pas installées.

Enregistrez les formules personnalisées dans le dossier de formules approprié. Les dossiers de formules sont organisés comme suit.

### Formules personnalisées

 **High** : formules personnalisées utilisées avec une trousse de débit élevé.

 **Mid** : formules personnalisées utilisées avec une trousse de débit moyen.

 **High** : formules d'origine utilisées avec une trousse de débit élevé.

 **Mid** : formules d'origine utilisées avec une trousse de débit moyen.

 **Wash** : contient la formule de lavage manuel.

## Vérification du système

Une vérification du système n'est pas nécessaire lors du fonctionnement normal ou de l'entretien de l'instrument. Toutefois, un représentant de l'assistance technique d'Illumina peut vous demander de réaliser une vérification automatique du système à des fins de dépannage.



### REMARQUE

Si un lavage de l'instrument doit être effectué, effectuez le lavage avant de commencer la vérification du système.

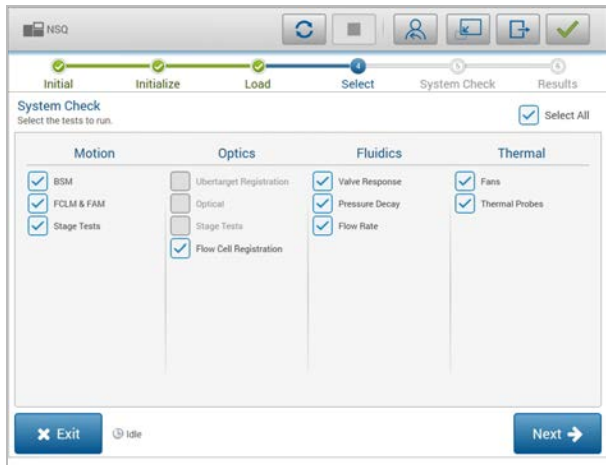
Le démarrage d'une vérification du système ferme automatiquement le logiciel de commande et lance le logiciel de service NextSeq (NSS). Le logiciel de service se lance et ouvre une page de connexion. Utilisez un nom d'utilisateur et un mot de passe Local Run Manager (niveau utilisateur ou administrateur) pour accéder à NSS. Après l'authentification, NSS s'ouvre sur l'écran Load (Charger), qui est configuré pour une utilisation de l'option de chargement avancé.



**REMARQUE**

Vous devez utiliser les identifiants de l'utilisateur administrateur de Local Run Manager avant l'affichage de l'écran Load (Charger) pour vous connecter au logiciel de service.

Figure 30 Vérifications du système disponibles



Les cases non cochées de l'écran Select (Sélectionner) indiquent les tests qui nécessitent l'assistance d'un représentant de terrain d'Illumina.

**Réaliser une vérification du système**

- 1 À l'écran Manage Instrument (Gérer l'instrument), sélectionnez **System Check** (Vérification du système). Lorsque vous êtes invité à fermer le logiciel de commande, sélectionnez **Yes** (Oui).
  - 2 Chargez les consommables comme suit :
    - a Si une Flow Cell usagée ne se trouve pas déjà sur l'instrument, chargez une Flow Cell usagée.
- 
- REMARQUE**
- Illumina recommande l'utilisation d'une Flow Cell à débit élevé pour les vérifications du système.
- b Videz le réservoir de réactifs usagés et repositionnez-le sur l'instrument.
  - c Chargez la cartouche de lavage du tampon contenant 120 ml d'eau de laboratoire dans le réservoir central.
  - d Chargez la cartouche de lavage des réactifs. Vérifiez que la cartouche de lavage des réactifs est vide et propre.
- 3 Sélectionnez **Load** (Charger). Le logiciel positionne la Flow Cell et la cartouche de lavage des réactifs. Sélectionnez **Next** (Suivant).
  - 4 Sélectionnez **Next** (Suivant). La vérification du système commence.
  - 5 **[Facultatif]** Lorsque la vérification du système est terminée, sélectionnez **View** (Afficher) à côté du nom de la vérification afin de visualiser les valeurs associées à chaque vérification.

- 6 Sélectionnez **Next** (Suivant). Le rapport de vérification du système s'ouvre.
- 7 Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour enregistrer le rapport dans un fichier comprimé. Naviguez vers un emplacement sur le réseau pour enregistrer le fichier.
- 8 Lorsque vous avez terminé, sélectionnez **Exit** (Quitter).
- 9 Lorsque vous êtes invité à fermer le logiciel d'entretien et à redémarrer le logiciel de commande, sélectionnez **Yes** (Oui). Le logiciel de commande redémarre automatiquement.

## Vérification des mouvements

Vérification du système	Description
BSM	Vérifie le gain et la distance du mécanisme de conduite des tampons (BSM) afin de confirmer que le module fonctionne correctement.
FCLM et FAM	Vérifie le gain et la distance du mécanisme de chargement de la Flow Cell (FCLM) et du module d'automatisation des liquides (FAM) pour confirmer que les modules fonctionnent correctement.
Tests de la platine	Vérifie les limites de parcours et les performances de la platine XY et des six platines Z, une pour chaque caméra.

## Vérification des composants optiques

Vérification du système	Description
Flow Cell Registration (Enregistrement de la Flow Cell)	Mesure l'inclinaison de la lame sur un plan optique, teste les fonctionnalités de la caméra, teste le module d'imagerie et vérifie l'enregistrement de la Flow Cell dans la position correcte d'imagerie.

## Vérification de la fluidique

Vérification du système	Description
Valve Response (Réponse de la valve)	Vérifie la précision des mouvements de la vanne et de la pompe ainsi que l'amplitude de mouvement de la seringue de la pompe.
Pressure Decay (Chute de pression)	Vérifie le taux de fuite d'un système fluidique étanche afin de confirmer que la Flow Cell est insérée correctement en position de séquençage.
Flow Rate (Débit)	Vérifie la fonctionnalité des capteurs à bulles, qui servent à détecter la présence d'air dans les lignes de réactifs. Mesure les débits pour vérifier la présence d'occlusions ou de fuites.

## Vérification thermique

Vérification du système	Description
Fans (Ventilateurs)	Vérifie la vitesse des ventilateurs du système en impulsions par minute (imp/min) pour confirmer que les ventilateurs fonctionnent. Les ventilateurs qui ne fonctionnent pas renvoient une valeur négative.
Thermal Probes (Sondes thermiques)	Vérifie la température moyenne de chaque capteur thermique. Les capteurs thermiques qui ne fonctionnent pas renvoient une valeur négative.

## Message d'erreur RAID

L'ordinateur NextSeq est équipé de deux disques durs. Si l'un des disques durs cesse de fonctionner, le système génère un message d'erreur RAID et vous suggère de prendre contact avec l'assistance technique d'Illumina. Un remplacement du disque dur est généralement nécessaire.

Vous pouvez continuer la procédure de configuration de l'analyse et les opérations normales. Le but de ce message est de pouvoir planifier à l'avance une visite de service pour éviter des interruptions durant le fonctionnement normal de l'instrument. Pour continuer, sélectionnez **Acknowledge** (Accepter), puis **Close** (Fermer).

## Erreur de stockage réseau

Les erreurs de stockage réseau sont dues à l'une des raisons suivantes :

- ▶ **Espace de stockage insuffisant pour le dossier de sortie** : augmentez la quantité d'espace disponible sur le périphérique de stockage ou déplacez le dossier de sortie vers un emplacement disposant de suffisamment d'espace de stockage.
- ▶ **Impossible de se connecter au stockage réseau** : vérifiez le chemin d'accès au dossier de sortie. Consultez la section *Paramétrage de l'emplacement du dossier de sortie*, à la page 58.
- ▶ **Le système ne peut pas écrire sur le stockage réseau** : consultez votre administrateur informatique pour vérifier les autorisations. Le compte Windows sur le système d'exploitation de l'instrument requiert l'autorisation de lire et d'écrire dans le dossier de sortie.

Le compte Windows dans Local Run Manager requiert également l'autorisation de lire et d'écrire dans le dossier de sortie. Consultez la section Spécifier les paramètres du compte de service dans le *Guide du logiciel Local Run Manager (document n° 1000000002702)*.

## Configuration des paramètres du système

La configuration du système a lieu lors de l'installation. Toutefois, si un changement est nécessaire ou si le système doit être reconfiguré, utilisez les options de configuration du système.

- ▶ **Network Configuration** (Configuration du réseau) : fournit des options de configuration des paramètres de l'adresse IP, de l'adresse du serveur de noms de domaine (DNS), du nom de l'ordinateur et du nom de domaine.
- ▶ **BaseSpace Sequence Hub** : fournit des options d'emplacement où envoyer les données pour le stockage et l'analyse, si BaseSpace Sequence Hub est en cours d'utilisation.
- ▶ **Output Folder Location** (Emplacement du dossier de sortie) : fournit des options de chemin d'accès au dossier de sortie.
- ▶ **BeadChip Scan Configuration** (Configuration des balayages de la puce BeadChip) : fournit des options pour préciser les éléments suivants :
  - ▶ l'emplacement par défaut du dossier DMAP;
  - ▶ l'emplacement du dossier de sortie;
  - ▶ le format de fichier des images enregistrées;
  - ▶ le type de fichier de sortie.

## Définir la configuration réseau

- 1 À l'écran Manage Instrument (Gérer l'instrument), sélectionnez **System Configuration** (Configuration du système).
- 2 Sélectionnez **Network Configuration** (Configuration du réseau).
- 3 Sélectionnez **Obtain an IP address automatically** (Obtenir automatiquement une adresse IP) pour récupérer l'adresse IP depuis un serveur DHCP.



### REMARQUE

Le Dynamic Host Configuration Protocol (DHCP) est un protocole réseau standard utilisé sur les réseaux IP pour distribuer de manière dynamique les paramètres de configuration réseau.

Vous pouvez également sélectionner **Use the following IP address** (Utiliser l'adresse IP suivante) pour connecter manuellement l'instrument à un autre serveur, en procédant comme suit. Communiquez avec votre administrateur réseau pour obtenir les adresses propres à votre installation.

- ▶ Entrez l'adresse IP. L'adresse IP est une série de quatre chiffres séparés par un point. Par exemple, 168.62.20.37.
  - ▶ Entrez le masque de sous-réseau, qui est une subdivision du réseau IP.
  - ▶ Entrez l'adresse de la passerelle par défaut, c'est-à-dire le routeur du réseau qui se connecte à Internet.
- 4 Sélectionnez **Obtain a DNS server address automatically** (Obtenir une adresse de serveur DNS automatiquement) pour connecter l'instrument au serveur de noms de domaine associé à l'adresse IP. Vous pouvez également sélectionner **Use the following DNS server addresses** (Utiliser les adresses des serveurs DNS suivantes) pour connecter manuellement l'instrument au serveur de noms de domaine comme suit.
    - ▶ Entrez les adresses DNS à privilégier. L'adresse DNS est le nom du serveur utilisé pour traduire les noms de domaine en adresses IP.
    - ▶ Entrez l'adresse DNS secondaire. L'adresse secondaire est utilisée si l'adresse DNS à privilégier ne peut pas traduire un nom de domaine particulier en adresse IP.
  - 5 Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour passer à l'écran Computer (Ordinateur).



### REMARQUE

Le nom de l'ordinateur de l'instrument est le nom attribué à l'ordinateur de l'instrument au moment de sa fabrication. Toute modification du nom de l'ordinateur peut nuire à la connectivité et nécessiter l'intervention d'un administrateur réseau.

- 6 Connectez l'ordinateur de l'instrument à un domaine ou à un groupe de travail en procédant comme suit.
  - ▶ **Pour les instruments connectés à Internet** : sélectionnez **Member of domain** (Membre du domaine), puis entrez le nom de domaine associé à la connexion Internet de votre établissement. Tout changement de domaine nécessite le nom d'utilisateur et le mot de passe d'un administrateur.
  - ▶ **Pour les instruments qui ne sont pas connectés à Internet** : sélectionnez **Member of work group** (Membre du groupe de travail) puis saisissez un nom de groupe de travail. Le nom du groupe de travail est propre à votre établissement.
- 7 Sélectionnez **Save** (Enregistrer).



## Configuration de BaseSpace Sequence Hub

- 1 Sur l'écran d'accueil, sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **System Configuration** (Configuration du système).
- 3 Sélectionnez **BaseSpace Sequence Hub Configuration** (Configuration de BaseSpace Sequence Hub).
- 4 Sélectionnez l'une des options suivantes afin de définir l'emplacement où les données seront envoyées pour l'analyse.
  - ▶ Dans la liste Hosting Location (Emplacement de l'hébergement), sélectionnez l'emplacement du serveur où les données sont téléversées.
  - ▶ Si vous avez un abonnement Entreprise, cochez la case **Private Domain** (Domaine privé) et saisissez le nom du domaine (URL) utilisé pour l'ouverture de session propre à BaseSpace Sequence Hub. Par exemple : `https://votrelabo.basespace.illumina.com`.
- 5 Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

## Paramétrage de l'emplacement du dossier de sortie

Le système NextSeq nécessite un dossier de sortie pour toutes les analyses. Utilisez le chemin Universal Naming Convention (UNC) complet vers le dossier de sortie. Un chemin UNC comprend deux barres obliques inverses, le nom du serveur et le nom du répertoire. Il ne comprend *pas* la lettre servant à identifier le lecteur réseau mappé.

- ▶ Les chemins d'accès d'un niveau vers le dossier de sortie nécessitent une barre oblique inverse de fin.
  - ▶ Exemple de chemin UNC : `\\servername\directory1\`
- ▶ Les chemins d'accès de deux niveaux ou plus vers le dossier de sortie ne nécessitent pas de barre oblique inverse de fin.
  - ▶ Exemple de chemin UNC : `\\servername\directory1\directory2`
- ▶ Les chemins d'accès vers un lecteur réseau mappé provoquent des erreurs. **Ne pas utiliser.**
  - ▶ Exemple d'un chemin de lecteur réseau mappé : `T:\sbsfiles`

Pour le mode d'analyse de Local Run Manager, définissez l'emplacement du dossier de sortie dans le logiciel Local Run Manager. Pour obtenir plus de renseignements, consultez le *Guide du logiciel Local Run Manager* (document n° 1000000002702).

## Configuration des balayages de la puce BeadChip

- 1 À l'écran Manage Instrument (Gérer l'instrument), sélectionnez **System Configuration** (Configuration du système).
- 2 Sélectionnez **BeadChip Scan Configuration** (Configuration des balayages de la puce BeadChip).
- 3 Afin de spécifier un emplacement par défaut pour le dossier DMAP, sélectionnez **Browse** (Parcourir) et accédez à l'emplacement de votre choix sur le réseau de votre installation.



### REMARQUE

Avant chaque balayage, téléchargez et copiez le contenu DMAP vers cet emplacement. Le contenu DMAP est requis pour chaque puce BeadChip et est unique à chaque code à barres de puce BeadChip.

- 4 Pour spécifier un emplacement de sortie par défaut, sélectionnez **Browse** (Parcourir) et accédez à l'emplacement de votre choix sur le réseau de votre installation.

- 5 Sélectionnez un format de fichier d'image pour les images enregistrées. Le type d'image par défaut est **JPG**.
- 6 Sélectionnez un format de fichier de sortie pour les données de balayage. Le type de fichier de sortie par défaut est **GTC only** (GTC uniquement).
- 7 Sélectionnez **Save** (Enregistrer).
- 8 Dans l'écran Scan Map (Carte de balayage), indiquez le chemin complet du fichier de manifeste et du fichier de groupement pour chaque type de puce BeadChip. Sélectionnez **Browse** (Parcourir) pour chaque type de fichier et accédez au dossier qui contient les fichiers pertinents.

# Annexe B Real-Time Analysis

Présentation de Real-Time Analysis .....	60
Flux de travail de Real-Time Analysis .....	61

## Présentation de Real-Time Analysis

L'instrument NextSeq 550 utilise une version du logiciel Real-Time Analysis (RTA) appelée RTA2. RTA2 fonctionne sur l'ordinateur de l'instrument et extrait les intensités des images, effectue les définitions des bases et associe un score de qualité aux définitions des bases. RTA2 et le logiciel de commande communiquent par le biais d'une interface Web HTTP et de fichiers mémoire partagés. Si RTA2 est arrêté, le traitement ne reprend pas et les données de l'analyse ne sont pas enregistrées.



### REMARQUE

Les performances de démultiplexage ne sont pas calculées. L'onglet Index de Sequencing Analysis Viewer (SAV) n'est donc pas rempli.

## Entrées dans RTA2

RTA2 nécessite les entrées suivantes pour le traitement :

- ▶ Les images des plaques contenues dans la mémoire locale du système.
- ▶ **RunInfo.xml**, qui est généré automatiquement au début de chaque analyse. Le fichier contient les données suivantes :
  - ▶ Nom de l'analyse
  - ▶ Nombre de cycles
  - ▶ Indexation ou non de la lecture
  - ▶ Nombre de plaques sur la Flow Cell
- ▶ **RTA.exe.config**, qui est un fichier de configuration logicielle au format XML.

RTA2 reçoit des commandes du logiciel de commande indiquant l'emplacement du fichier **RunInfo.xml** et précisant si un dossier de sortie facultatif est spécifié.

## Fichiers de sortie RTA v2

Les images de chaque canal passent dans la mémoire sous forme de plaques. Les plaques sont de petites zones d'imagerie sur la Flow Cell qui constituent pour la caméra une unité de vision. À partir de ces images, le logiciel produit des fichiers de sortie qui prennent la forme d'un ensemble de fichiers de définition des bases dont la qualité est notée et de fichiers de filtrage. Tous les autres fichiers supportent les fichiers de sortie.

Type de fichiers	Description
Fichiers de définition des bases (*.bcl)	Chaque plaque analysée est incluse dans un fichier regroupant les définitions des bases pour chaque ligne et chaque cycle. Le fichier cumulé de définition des bases contient la définition des bases ainsi que le score de qualité associé à chaque amplifiat dans cette ligne.
Fichiers de filtrage (*.filter)	Chaque plaque produit des renseignements sur le filtre qui sont rassemblés dans un fichier de filtrage par ligne. Le fichier de filtrage spécifie si un amplifiat a franchi les filtres.
Fichiers d'emplacement des ampliats (*.locs)	Les fichiers d'emplacement des ampliats contiennent les coordonnées X et Y de chaque amplifiat dans une plaque. Lors de la génération du modèle, un fichier d'emplacement des ampliats est créé pour chaque ligne.

Type de fichiers	Description
Fichier d'index de définition des bases (*.bci)	Afin de préserver les renseignements d'origine sur les plaques, un fichier d'index de définition des bases est produit pour chaque ligne. Le fichier d'index contient une paire de valeurs pour chaque plaque, qui sont respectivement le numéro de cette plaque et le nombre d'amplifiats qu'elle contient.

Les fichiers de sortie sont utilisés pour une analyse en aval dans BaseSpace. Vous pouvez aussi utiliser le logiciel de conversion bcl2fastq pour la conversion FASTQ, ainsi que des solutions d'analyse tierces. Les fichiers NextSeq nécessitent bcl2fastq v2.0 ou une version ultérieure. Pour obtenir la dernière version de bcl2fastq, veuillez consulter la [page de téléchargement du système NextSeq](#) sur le site Web d'Illumina.

RTA v2 fournit des indicateurs en temps réel sur la qualité de l'analyse, stockés dans des fichiers InterOp. Les fichiers InterOp sont des fichiers de sortie binaires contenant des indicateurs relatifs aux plaques, aux cycles et au niveau de lecture nécessaires pour afficher des indicateurs en temps réel en utilisant le logiciel Sequencing Analysis Viewer (SAV). Pour la dernière version du SAV, consultez la [page de téléchargement du logiciel SAV](#) sur le site Web d'Illumina.

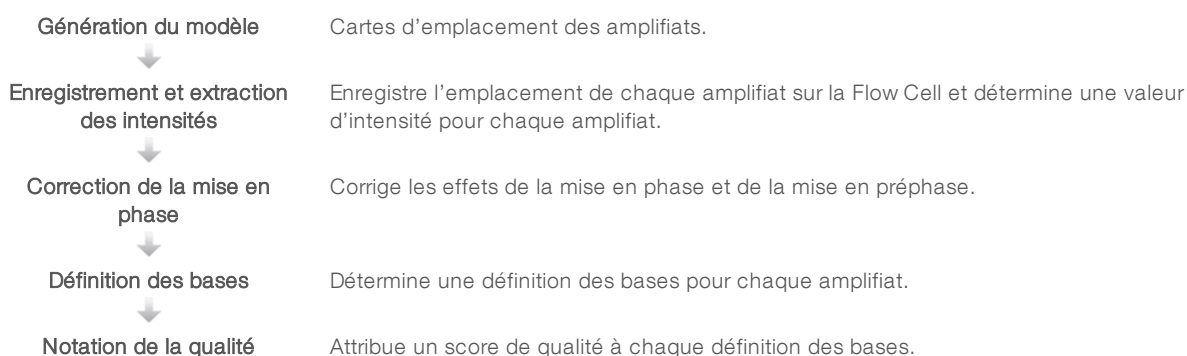
## Gestion des erreurs

RTA2 crée des fichiers journaux et les enregistre dans le dossier RTALogs. Les erreurs sont enregistrées dans un fichier d'erreurs au format \*.tsv.

Les fichiers journaux et d'erreurs suivants sont transférés vers leur emplacement final de sortie à la fin du traitement :

- ▶ \*GlobalLog\*.tsv récapitule les événements importants survenus pendant l'analyse.
- ▶ \*LaneNLog\*.tsv répertorie les événements relatifs au traitement de chaque ligne.
- ▶ \*Error\*.tsv répertorie les erreurs survenues au cours d'une analyse.
- ▶ \*WarningLog\*.tsv répertorie les avertissements reçus au cours d'une analyse.

## Flux de travail de Real-Time Analysis



## Génération du modèle

La première étape du flux de travail RTA est la génération du modèle, qui définit la position de chaque amplifiat dans une plaque à l'aide des coordonnées X et Y.

La génération du modèle nécessite les données d'image des cinq premiers cycles de l'analyse. Une fois l'imagerie du dernier cycle de modèle d'une plaque réalisée, le modèle est généré.



### REMARQUE

Pour la détection d'un amplifiat pendant la génération du modèle, il doit y avoir au moins une base autre que G dans les **cinq** premiers cycles. Pour toutes les séquences d'indexage, RTAv2 nécessite au moins une base autre que G dans les **deux** premiers cycles.

Le modèle est utilisé comme référence pour l'étape suivante d'enregistrement et l'extraction des intensités. Les emplacements des amplifiats sur toute la Flow Cell sont écrits dans les fichiers d'emplacement des amplifiats (\*.locs), un pour chaque ligne.

## Enregistrement et extraction des intensités

L'enregistrement et l'extraction des intensités débutent après la génération du modèle.

- ▶ L'enregistrement aligne les images produites par chaque cycle d'imagerie selon le modèle.
- ▶ L'extraction d'intensités détermine une valeur d'intensité pour chaque amplifiat du modèle pour une image donnée.

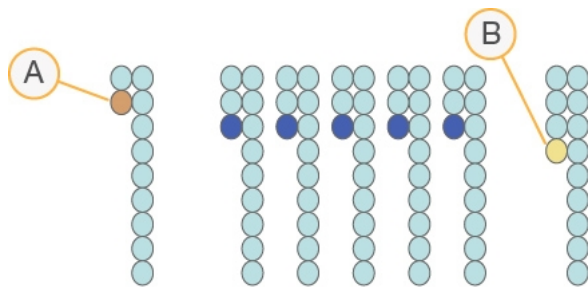
S'il y a échec d'enregistrement de l'image d'un cycle, quelle qu'elle soit, aucune définition des bases ne sera générée pour cette plaque dans ce cycle. Utilisez le logiciel Sequencing Analysis Viewer (SAV) pour examiner les vignettes et trouver les images dont l'enregistrement a échoué.

## Correction de la mise en phase

Lors de la réaction de séquençage, chaque brin d'ADN dans un amplifiat s'étend d'une base par cycle. La mise en phase et la mise en préphase ont lieu lorsqu'un brin est déphasé par rapport au cycle d'incorporation en cours.

- ▶ La mise en phase se produit lorsqu'un brin a un retard d'une base.
- ▶ La mise en préphase se produit lorsqu'un brin a une avance d'une base.

Figure 31 Mise en phase et en préphase



- A Lecture avec une base présentant une mise en phase
- B Lecture avec une base présentant une mise en préphase

RTA2 corrige les effets de la mise en phase et de la mise en préphase, ce qui maximise la qualité des données à chaque cycle tout au long de l'analyse.

## Définition des bases

La définition des bases détermine une base (A, C, G ou T) pour chaque amplifiat d'une plaque donnée d'un cycle spécifique. L'instrument NextSeq 550 utilise un séquençage à deux canaux, qui ne nécessite que deux images pour encoder les données de quatre bases d'ADN, l'une provenant du canal rouge et l'autre, du canal vert.

Les intensités extraites d'une image et sa comparaison avec une autre image donnent quatre populations distinctes, chacune correspondant à un nucléotide. Le processus de définition des bases détermine à quelle population appartient chaque amplifiat.

Figure 32 Visualisation de l'intensité des amplifiats

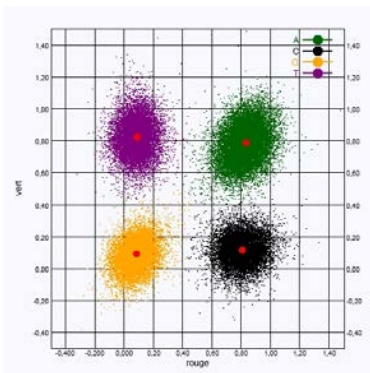


Tableau 1 Définition des bases dans le séquençage à deux canaux

Base	Canal rouge	Canal vert	Résultat
A	1 (allumé)	1 (allumé)	Amplifiats montrant une intensité tant dans le canal rouge que dans le canal vert.
C	1 (allumé)	0 (éteint)	Amplifiats montrant une intensité seulement dans le canal rouge.
G	0 (éteint)	0 (éteint)	Amplifiats ne montrant d'intensité dans aucun emplacement d'amplifiat connu.
T	0 (éteint)	1 (allumé)	Amplifiats montrant une intensité seulement dans le canal vert.

## Amplifiats passant le filtre

Au cours de l'analyse, RTA2 filtre les données brutes pour supprimer les lectures non conformes au seuil de qualité des données. Les amplifiats qui se chevauchent et ceux de mauvaise qualité sont supprimés.

Dans le cas d'une analyse sur deux canaux, RTA2 utilise un système basé sur une population pour déterminer la pureté d'une définition des bases. Les amplifiats franchissent le filtre (PF) lorsqu'une définition des bases ou moins au cours des 25 premiers cycles a une pureté inférieure à 0,63. Les amplifiats qui ne passent pas le filtre ne servent pas à la définition des bases.

## Considérations relatives à l'indexage

Le processus de définition des bases qui a lieu pendant la lecture d'index diffère de celui qui a lieu pendant les autres lectures.

Une lecture d'index doit contenir au moins une base autre que G dans l'un des deux premiers cycles. Si deux bases G sont définies au début d'une lecture d'index, aucune intensité de signal n'est générée. Il faut obtenir un signal dans l'un des deux premiers cycles pour assurer la performance de démultiplexage.

Pour accroître la robustesse de démultiplexage, sélectionnez à chaque cycle des séquences d'indexage qui fournissent un signal dans un canal au moins ou si possible dans les deux canaux. Suivez cette recommandation pour éviter les combinaisons d'index pouvant aboutir à l'obtention de bases G uniquement à n'importe quel cycle.

- ▶ Canal rouge : A ou C
- ▶ Canal vert : A ou T

Ce processus de définition des bases permet d'éviter les erreurs lors de l'analyse d'échantillons low-plex.

## Notation de la qualité

Le score de qualité permet de prédire la probabilité d'une erreur dans la définition des bases. Un score de qualité plus élevé suppose qu'une définition des bases est de plus haute qualité et plus susceptible d'être correcte.

Le score de qualité est un moyen simple d'indiquer la probabilité de petites erreurs.  $Q(X)$  représente les scores de qualité, où  $X$  est le score. Le tableau suivant montre la relation entre le score de qualité et la probabilité d'une erreur :

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



### REMARQUE

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

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

Une fois le score de qualité établi, les résultats sont enregistrés dans les fichiers de définition des bases.

# Annexe C Fichiers et dossiers de sortie

Fichiers de sortie de séquençage .....	65
Structure des dossiers de sortie de séquençage .....	68
Fichiers de sortie du balayage .....	69
Structure du dossier de sortie de balayage .....	70

## Fichiers de sortie de séquençage

Type de fichiers	Description, emplacement et nom des fichiers
Fichiers de définition des bases	Chaque plaque analysée est incluse dans un fichier de définition des bases; ces fichiers sont rassemblés dans un fichier pour chaque ligne de chaque cycle. Le fichier cumulé contient la définition des bases ainsi que le score de qualité codé associé à chaque amplifiat de cette ligne. <b>Data\Intensities\BaseCalls\L00[X]</b> : les fichiers sont stockés dans un dossier pour chaque ligne. <b>[Cycle].bcl.bgzf</b> , où [Cycle] représente le numéro à quatre chiffres du cycle. Les fichiers de définition des bases sont compressés à l'aide du logiciel de compression gzip.
Fichier index de définition des bases	Pour chaque ligne, un fichier index binaire indique les renseignements sur la plaque d'origine dans une paire de valeurs pour chaque plaque, qui sont le numéro et le nombre d'amplifiats de la plaque. Les fichiers d'index de définition des bases sont créés la première fois qu'un fichier de définition des bases est créé pour une ligne. <b>Data\Intensities\BaseCalls\L00[X]</b> : les fichiers sont stockés dans un dossier pour chaque ligne. <b>s_[Ligne].bci</b>
Fichiers d'emplacement des amplifiats	Pour chaque plaque, les coordonnées XY de chaque amplifiat sont rassemblées dans un fichier d'emplacement des amplifiats pour chaque ligne. Les fichiers d'emplacement des amplifiats sont le résultat de la génération du modèle. <b>Data\Intensities\L00[X]</b> : les fichiers sont stockés dans un dossier pour chaque ligne. <b>s_[ligne].locs</b>
Fichiers de filtrage	Les fichiers de filtrage spécifient si les amplifiats ont franchi les filtres. Les renseignements de filtrage sont rassemblés dans un seul fichier de filtrage pour chaque ligne et chaque lecture. Les fichiers de filtrage sont générés au cycle 26 et portent sur 25 cycles de données. <b>Data\Intensities\BaseCalls\L00[X]</b> : les fichiers sont stockés dans un dossier pour chaque ligne. <b>s_[ligne].filter</b>
Fichiers InterOp	Fichiers de compte rendu binaire nécessaires pour le logiciel Sequencing Analysis Viewer (SAV). Les fichiers InterOp sont mis à jour tout au long de l'analyse. Dossier <b>InterOp</b>
Fichier de configuration RTA	Créé au début de l'analyse, le fichier de configuration RTA indique les paramètres de l'analyse. <b>&lt;Run folder Name&gt;, RTAConfiguration.xml</b>
Fichier de renseignements sur l'analyse	Indique le nom de l'analyse, le nombre de cycles à chaque lecture, si la lecture est une lecture indexée et le nombre de stries et de plaques sur la Flow Cell. Le fichier de renseignements sur l'analyse est créé au début de l'analyse. <b>&lt;Run folder Name&gt;, RunInfo.xml</b>
Fichiers des vignettes	Une vignette pour chaque canal de couleur (rouge et vert) pour les plaques 1, 6 et 12 depuis toutes les caméras, les surfaces hautes et basses à chaque cycle au cours de l'imagerie. <b>Thumbnail_Images\L00[X]\C[X.1]</b> ( <b>Vignettes\L00[X]\C[X.1]</b> ) : les fichiers sont stockés dans un seul dossier pour chaque ligne et un sous-dossier pour chaque cycle. <b>s_[ligne]_[plaque]_[canal].jpg</b> : dans le nom du fichier, la plaque est représentée par un numéro à cinq chiffres qui indique la surface, la strie, la caméra et la plaque. Pour obtenir plus de renseignements, consultez les sections <i>Numérotation des plaques</i> , à la page 67, et <i>Nommage des vignettes</i> , à la page 68.



## Plaques de la Flow Cell

Les plaques sont de petites zones d'imagerie sur la Flow Cell qui constituent pour la caméra une unité de vision. Le nombre total de plaques dépend du nombre de lignes, de stries et de surfaces imagés sur la Flow Cell et de la façon dont les caméras fonctionnent conjointement pour recueillir les images.

- ▶ Les Flow Cell à débit élevé comportent 864 plaques au total.
- ▶ Les Flow Cell à débit moyen comportent 288 plaques au total.

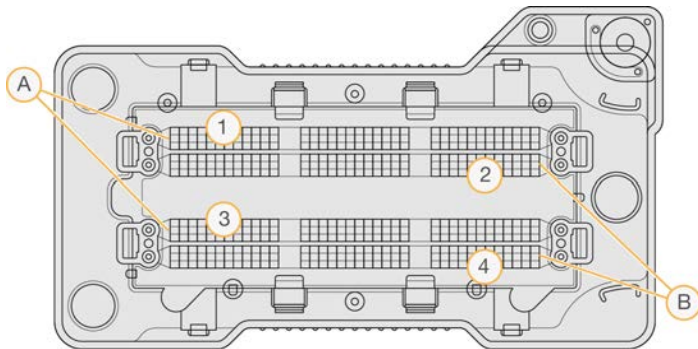
Tableau 2 Plaques de la Flow Cell

Composant de la Flow Cell	Débit élevé	Débit moyen	Description
Lignes	4	4	Une ligne est un canal physique possédant des ports d'entrée et de sortie dédiés.
Surfaces	2	2	La Flow Cell est imagée sur deux surfaces : les surfaces inférieure et supérieure. Le système image le dessus d'une plaque, puis le dessous de la même plaque avant de passer à la plaque suivante.
Stries par ligne	3	1	Une strie est une colonne de plaques sur une ligne.
Segments de caméra	3	3	L'instrument utilise six caméras pour imager la Flow Cell en trois segments pour chaque ligne.
Plaques par strie par segment de caméra	12	12	La plaque est la zone de la Flow Cell qui constitue pour la caméra une unité d'image.
Nombre total de plaques imagées	864	288	Le nombre total de plaques est égal aux lignes × surfaces × stries × segments de caméra × plaques par strie par segment.

## Numérotation des lignes

Les lignes 1 et 3, appelées paire de lignes A, sont imagées simultanément. Les lignes 2 et 4, appelées paire de lignes B, sont imagées lorsque l'imagerie de la paire de lignes A est terminée.

Figure 33 Numérotation des lignes

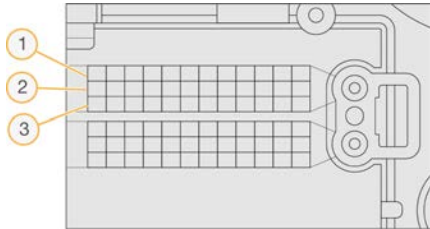


- A Paire de lignes A : lignes 1 et 3
- B Paire de lignes B : lignes 2 et 4

## Numérotation des stries

Chaque ligne est imagée en trois stries. Les stries sont numérotées de 1 à 3 pour les Flow Cell à débit élevé.

**Figure 34** Numérotation des stries

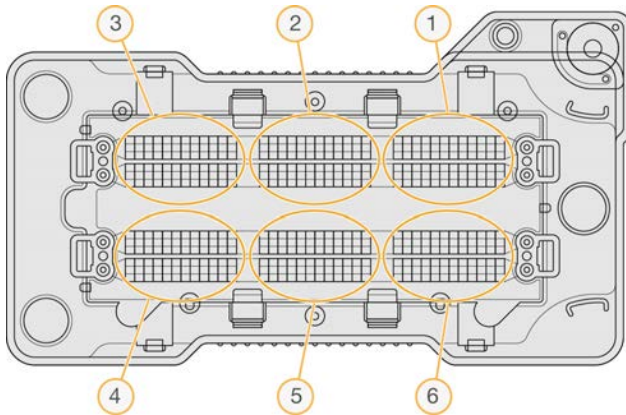


## Numérotation des caméras

L'instrument NextSeq 550 utilise six caméras pour l'imagerie de la Flow Cell.

Les caméras sont numérotées de 1 à 6. Les caméras 1 à 3 effectuent l'imagerie de la ligne 1. Les caméras 4 à 6 effectuent l'imagerie de la ligne 3. Une fois l'imagerie des lignes 1 et 3 effectuée, le module d'imagerie se déplace sur l'axe X pour effectuer l'imagerie des lignes 2 et 4.

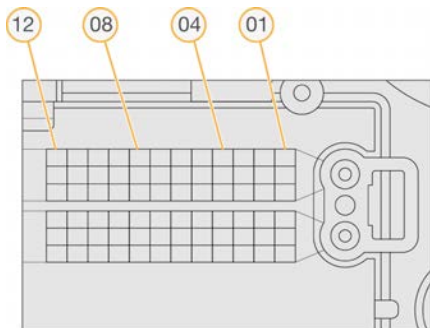
**Figure 35** Numérotation des caméras et des segments (Flow Cell à débit élevé illustrée)



## Numérotation des plaques

Chaque strie du segment de chacune des caméras comporte 12 plaques. Les plaques sont numérotées de 01 à 12 dans un format de deux chiffres, quel que soit le numéro de strie ou le segment de caméra.

**Figure 36** Numérotation des plaques



Le numéro complet de la plaque comporte cinq chiffres pour indiquer son emplacement comme suit :

- ▶ **Surface** : 1 représente la surface supérieure, et 2, la surface inférieure
- ▶ **Strie** : 1, 2 ou 3
- ▶ **Caméra** : 1, 2, 3, 4, 5 ou 6
- ▶ **Plaque** : 01, 02, 03, 04, 05, 06, 07, 08, 09, 10, 11 ou 12

**Exemple** : la plaque portant le numéro 12508 indique qu'il s'agit d'une surface supérieure, de la strie 2, de la caméra 5 et de la plaque 8.

Le numéro complet à cinq chiffres de la plaque est utilisé dans le nom des vignettes et des fichiers de mise en phase empirique. Pour obtenir plus de renseignements, consultez la section *Fichiers de sortie de séquençage*, à la page 65.

## Nommage des vignettes

Une vignette pour chaque canal de couleur (rouge et vert) pour les plaques 1, 6 et 12 est générée depuis toutes les caméras, les surfaces hautes et basses à chaque cycle au cours de l'imagerie. Les fichiers de vignettes sont générés au format JPG.

Chaque nom d'image commence toujours par **s\_** et reçoit ensuite les éléments que prévoit la convention de dénomination suivante :

- ▶ **Ligne** : 1, 2, 3 ou 4
- ▶ **Plaque** : numéro de la plaque à cinq chiffres, correspondant à la surface, à la strie, à la caméra et à la plaque
- ▶ **Canal** : rouge ou vert

**Exemple** : `s_3_12512_green.jpg` (`s_3_12512_vert.jpg`) correspond à la ligne 3, à la surface supérieure, à la strie 2, à la caméra 5, à la plaque 12 et au canal vert.

## Structure des dossiers de sortie de séquençage

Le logiciel de commande génère automatiquement le nom du dossier de sortie.

### 📁 Data (Données)

#### 📁 Intensities (Intensités)

##### 📁 BaseCalls (Appels de bases)

📁 L001 : fichiers de définition des bases de la ligne 1, rassemblés dans un fichier par cycle.

📁 L002 : fichiers de définition des bases de la ligne 2, rassemblés dans un fichier par cycle.

📁 L003 : fichiers de définition des bases de la ligne 3, rassemblés dans un fichier par cycle.

📁 L004 : fichiers de définition des bases de la ligne 4, rassemblés dans un fichier par cycle.

📁 L001 : fichier \*.locs rassemblant les emplacements des amplifiats de la ligne 1.

📁 L002 : fichier \*.locs rassemblant les emplacements des amplifiats de la ligne 2.

📁 L003 : fichier \*.locs rassemblant les emplacements des amplifiats de la ligne 3.

📁 L004 : fichier \*.locs rassemblant les emplacements des amplifiats de la ligne 4.

### 📁 Images

#### 📁 Focus (Mise au point)

📁 L001 : images de mise au point de la ligne 1.

 **L002** : images de mise au point de la ligne 2.

 **L003** : images de mise au point de la ligne 3.

 **L004** : images de mise au point de la ligne 4.

 **InterOp** : fichiers binaires utilisés par le logiciel Sequencing Analysis Viewer (SAV)..

 **Logs** : fichiers journaux décrivant les étapes de fonctionnement.

 **Recipe** (Formule) : fichier de formule propre à l'analyse portant l'identifiant de la cartouche de réactifs.

 **RTALogs** : fichiers journaux décrivant les étapes de l'analyse.

 **Thumbnail\_Images** : vignettes pour les plaques 1, 6 et 12 dans chaque strie de chaque cycle.

 RTAComplete.xml

 RTAConfiguration.xml

 RunInfo.xml

 RunNotes.xml

 RunParameters.xml

## Fichiers de sortie du balayage

Type de fichiers	Description, emplacement et nom des fichiers
Fichiers GTC	Fichier de typage génotypique. Un fichier GTC est généré pour chaque échantillon balayé sur la puce BeadChip. Le nom du fichier comprend le code à barres et l'échantillon balayé. <b>[code à barres]_[échantillon].gtc</b>
Fichiers images	Les fichiers images sont nommés d'après la zone qui a été balayée sur la puce BeadChip. Ce nom comprend le code à barres, l'échantillon et la section sur la puce BeadChip, la strie, ainsi que le canal d'imagerie (rouge ou vert). <b>[code à barres]_[échantillon]_[section]_[strie]_[caméra]_[plaque]_[canal].jpg</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Code à barres</b> : le nom de fichier commence par le code à barres de la puce BeadChip.</li> <li>• <b>Échantillon</b> : une zone de la puce BeadChip numérotée selon une rangée (R0X), de haut en bas, et selon une colonne (C0X), de gauche à droite.</li> <li>• <b>Section</b> : une rangée numérotée au sein d'un échantillon.</li> <li>• <b>Strie</b> : les puces BeadChip sont imagées sous la forme d'un ensemble de plaques qui se chevauchent. Seule une strie est donc utilisée pour l'imagerie de la section.</li> <li>• <b>Caméra</b> : la caméra utilisée pour recueillir l'image.</li> <li>• <b>Plaque</b> : une zone d'imagerie qui constitue pour la caméra l'unité de vision.</li> <li>• <b>Canal</b> : un canal est soit rouge, soit vert.</li> </ul>

## Structure du dossier de sortie de balayage

- 📁 [Date]\_[Nom de l'instrument]\_[N° de balayage]\_[Code à barres]
  - 📁 [Code à barres]
    - 📁 Config
      - 📄 Effective.cfg : enregistre les paramètres de configuration utilisés lors du balayage.
    - 📁 Focus : contient les fichiers images servant à mettre au point le balayage.
    - 📁 Logs : contient les fichiers journaux répertoriant chaque étape effectuée pendant le balayage.
    - 📁 PreScanDiagnosticFiles
      - 📁 [Date\_Heure] Barcode Scan
        - 📄 ProcessedBarcode.jpg : image du code à barres de la puce BeadChip.
        - 📄 Diagnostics de balayage (fichiers journaux)
        - 📄 PreScanChecks.csv : enregistre les résultats de la vérification automatique.
    - 📄 Fichiers GTC : fichiers de typage génotypique (un fichier par échantillon).
    - 📄 Fichiers IDAT : [facultatif] fichiers de données d'intensité (deux fichiers par échantillon, un fichier par canal).
    - 📄 Fichiers images : images du balayage pour chaque échantillon, section, strie, caméra, plaque et canal.
    - 📄 [Code à barres]\_sample\_metrics.csv
    - 📄 [Code à barres]\_section\_metrics.csv
  - 📄 ScanParameters.xml

# Annexe D Considérations concernant l'instrument NextSeq 550Dx en mode recherche

Introduction .....	71
Compatibilité des consommables du système NextSeq 550Dx .....	71
Démarrer l'instrument NextSeq 550Dx .....	72
Indicateurs de mode de l'instrument NextSeq 550Dx .....	73
Options de redémarrage et d'arrêt de l'instrument NextSeq 550Dx .....	73

## Introduction

Sauf exception, les directives de ce guide s'appliquent à l'instrument NextSeq 550Dx lorsqu'il est en mode recherche avec le NCS v4.0, ou une version plus récente. S'il est en mode recherche avec le NCS v3.0, consultez le *Guide de référence de l'instrument NextSeq 550Dx en mode recherche (document n° 1000000041922)*.

La source à consulter pour obtenir les directives générales du logiciel Local Run Manager dépend du mode utilisé sur l'instrument NextSeq 550Dx. Si l'instrument est en mode recherche, consultez le *Guide du logiciel Local Run Manager (document n° 1000000002702)*. S'il est en mode diagnostic, consultez les directives du logiciel Local Run Manager se trouvant dans le *Guide de référence de l'instrument NextSeq 550Dx (document n° 1000000009513)*. Le logiciel Local Run Manager n'est pas disponible pour la version 3.0 du NCS.

Les différences entre l'instrument NextSeq 550Dx en mode recherche et l'instrument NextSeq 550 sont les suivantes :

- ▶ la compatibilité des consommables;
- ▶ le démarrage de l'instrument;
- ▶ la redémarrage et l'arrêt de l'instrument.

## Compatibilité des consommables du système NextSeq 550Dx

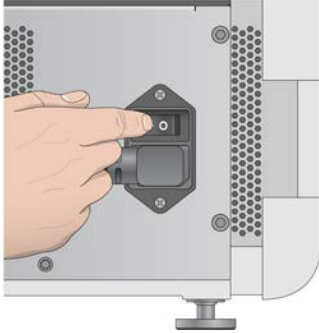
Pour faire une analyse de séquençage sur l'instrument NextSeq 550Dx, il faut une trousse NextSeq 550/550 à usage unique ou une trousse de réactifs NextSeq 550Dx à débit élevé.

Si vous utilisez une trousse de réactifs NextSeq 550Dx à débit élevé pour une analyse en mode recherche, toutes les composantes doivent provenir du même lot de trousse. La trousse NextSeq 550/550 ne doit pas être utilisée pour une analyse en mode diagnostic.

## Démarrer l'instrument NextSeq 550Dx

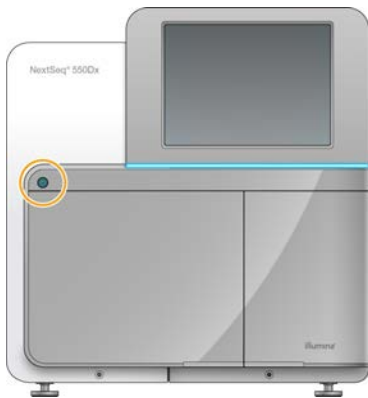
Mettez l'interrupteur principal en position I (Marche).

**Figure 37** Interrupteur d'alimentation situé à l'arrière de l'instrument



- 1 Appuyez sur le bouton d'alimentation situé au-dessus du compartiment de réactifs. Le bouton d'alimentation active l'alimentation de l'instrument et démarre l'ordinateur et les logiciels intégrés à l'instrument.  
Par défaut, l'instrument démarre en mode diagnostic.

**Figure 38** Bouton d'alimentation situé à l'avant de l'instrument



- 2 Attendez le chargement complet du système d'exploitation.  
Le logiciel d'exploitation de NextSeq 550Dx (NOS) démarre et initialise automatiquement le système.  
À la fin de l'étape d'initialisation, l'écran d'accueil s'ouvre.
- 3 Entrez votre nom d'utilisateur et votre mot de passe de Local Run Manager.  
Pour obtenir des renseignements sur les mots de passe de Local Run Manager, consultez le *Guide de référence de l'instrument NextSeq 550Dx (document n° 100000009513)*.
- 4 Cliquez sur **Login** (Ouvrir une session).  
La page d'accueil s'ouvre et comporte les icônes Sequence (Séquence), Local Run Manager, Manage Instrument (Gérer l'instrument) et Perform Wash (Procéder au lavage).
- 5 Utilisez la commande Reboot to RUO (Redémarrer en mode recherche uniquement) dans NOS pour arrêter l'instrument de façon sécuritaire et le redémarrer en mode recherche.
  - ▶ Sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
  - ▶ Sélectionnez **Reboot/Shutdown** (Redémarrer/Arrêter).
  - ▶ Sélectionnez **Reboot to RUO** (Redémarrer en mode recherche uniquement).

- 6 Attendez le chargement complet du système d'exploitation.  
Le logiciel de commande (NCS) démarre et initialise le système automatiquement. À la fin de l'étape d'initialisation, l'écran d'accueil s'ouvre.
- 7 Si votre système a été configuré pour demander des identifiants, connectez-vous à Windows en utilisant le nom d'utilisateur et le mot de passe de votre site.



#### REMARQUE

Si vous ne savez pas dans quel mode se trouve l'instrument, consultez la section *Indicateurs de mode de l'instrument NextSeq 550Dx*.

## Indicateurs de mode de l'instrument NextSeq 550Dx

Le tableau ci-dessous présente les indicateurs de mode de l'instrument affichés à l'écran du NCS ou du NOS. Pour savoir comment passer du mode recherche au mode diagnostic, consultez la section *Options de redémarrage et d'arrêt de l'instrument NextSeq 550Dx*, à la page 73.

Mode	Écran d'accueil	Barre de couleur	Orientations de l'icône d'état
Diagnostic Mode (Mode diagnostic)	Welcome to NextSeqDx (Bienvenue dans NextSeqDx)	Bleu	Horizontal
Research Mode (Mode recherche)	Welcome to NextSeq (Bienvenue dans NextSeq)	Orange	Vertical

## Options de redémarrage et d'arrêt de l'instrument NextSeq 550Dx

Pour accéder aux fonctions suivantes, sélectionnez le bouton Shutdown Options (Options d'arrêt) lorsque le système NextSeq 550Dx est en mode recherche :

- ▶ Reboot to Dx (Redémarrer en mode diagnostic) : l'instrument s'ouvre en mode diagnostic.
- ▶ Reboot to RUO (Redémarrer en mode recherche uniquement) : l'instrument s'ouvre en mode recherche.
- ▶ Shutdown (Arrêt) : l'instrument s'ouvre en mode diagnostic.
- ▶ Exit to Windows (Quitter et retourner vers Windows) : selon les autorisations, vous pouvez fermer le NCS et voir Windows.



#### REMARQUE

Si vous utilisez l'instrument NextSeq 550Dx en mode recherche, l'instrument vous demandera, au retour en mode diagnostic, de faire un lavage après analyse.

## Redémarrer en mode diagnostic

Utilisez la commande Reboot to Dx (Redémarrer en mode diagnostic) pour arrêter l'instrument de façon sécuritaire et le redémarrer en mode diagnostic.

- 1 Sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **Shutdown Options** (Options d'arrêt).
- 3 Sélectionnez **Reboot to Dx** (Redémarrer en mode diagnostic).



## Redémarrer en mode recherche

Utilisez la commande Reboot to RUO (Redémarrer en mode recherche uniquement) pour arrêter l'instrument de façon sécuritaire et le redémarrer en mode recherche.

- 1 Sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **Shutdown Options** (Options d'arrêt).
- 3 Sélectionnez **Reboot to RUO** (Redémarrer en mode recherche uniquement).

## Arrêt de l'instrument

- 1 Sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **Shutdown Options** (Options d'arrêt).
- 3 Sélectionnez **Shutdown** (Arrêter).

La commande d'arrêt ferme le logiciel de manière sûre et coupe l'alimentation de l'instrument. Attendez au moins 60 secondes avant de mettre à nouveau en marche l'instrument.



### REMARQUE

Par défaut, l'instrument démarre en mode diagnostic lors de sa mise sous tension.



### ATTENTION

*Ne déplacez pas* l'instrument. Un déplacement inapproprié de l'instrument peut avoir un impact sur l'alignement optique et compromettre l'intégrité des données. Si vous devez déplacer l'instrument, communiquez avec votre représentant Illumina.

## Exit to Windows (Quitter et retourner vers Windows)

La commande Exit to Windows (Quitter et retourner vers Windows) donne accès au système d'exploitation de l'instrument et à tout dossier de l'ordinateur de l'instrument. La commande ferme le logiciel de manière sécuritaire et retourne à Windows.

- 1 Sélectionnez **Manage Instrument** (Gérer l'instrument).
- 2 Sélectionnez **Shutdown Options** (Options d'arrêt).
- 3 Sélectionnez **Exit to Windows** (Quitter et retourner vers Windows).

# Index

## A

- adaptateur
  - chargement de puce BeadChip 33
  - orientation de la puce BeadChip 32
  - présentation 6
- aide
  - documentation 2
- aide, technique 79
- alertes d'état 5
- algorithme Phred 64
- amplifiats passant le filtre 63
- analyse
  - créer 17
  - fichiers de sortie 65
  - options 20-21
- analyse, primaire
  - pureté du signal 63
- analyses
  - créer 17
- arrêt de l'instrument 43
- assistance clientèle 79
- assistance technique 79

## B

- barre d'état 3
- BaseSpace Sequence Hub 1, 21
  - configuration 58
  - connexion 21, 51
  - icônes de transfert 28
- BeadChip
  - analyse 1
  - types 1
- bouton d'alimentation 6, 11

## C

- cartouche de réactifs
  - préparation 17
  - présentation 9
  - réservoir n° 28 38
- cartouche de tampon 10, 24
- compartiment d'imagerie 3
- compartiment de réactifs 3
- compartiment du filtre à air 3-4
- compartiment du tampon 3
- compatibilité
  - suivi RFID 9

- composants
  - barre d'état 3
  - compartiment d'imagerie 3
  - compartiment de réactifs 3
  - compartiment du filtre à air 3
  - compartiment du tampon 3
- configuration de l'analyse, option avancée 13
- considérations relatives à l'indexage 63
- consommables
  - analyses de séquençage 14
  - cartouche de réactifs 9
  - cartouche de tampon 10
  - consommables de lavage 37-38
  - eau de laboratoire 15
  - Flow Cell 8
  - maintenance de l'instrument 14
- consommables fournis par l'utilisateur 14
- créer une analyse 17
- cycles d'une lecture 17

## D

- Decode File Client 30
  - accès par compte 31
  - accès par puce BeadChip 31
- définition des bases 63
  - considérations relatives à l'indexage 63
- dépannage
  - échec de l'enregistrement du balayage 52
  - fichiers propres à une analyse 44
  - fichiers spécifiques au balayage 45
  - impossible de lire le code à barres de la puce BeadChip 51
  - indicateurs de faible qualité 49
  - options pour communiquer avec nous 44
  - remplacer les fichiers de manifeste et les fichiers de groupement 53
  - réservoir de réactifs usagés 49
  - vérification avant analyse 46
  - vérification du système 53
- directives à propos de l'eau de laboratoire 15
- documentation 2, 79
- dossier de sortie 20
- dossier DMAP
  - Decode File Client 30
  - téléchargement 31
- durée de l'analyse 17

## E

- éliminer les consommables 14
- emplacement des amplifiats
  - fichiers 65
  - génération du modèle 62
- emplacement du dossier 22
- erreur de stockage réseau 56
- erreurs
  - probabilité 64
- erreurs et avertissements 5
  - dans les fichiers de sortie 61
- erreurs lors de la vérification avant analyse 46

## F

- fichiers d'entrée, balayage
  - dossier DMAP 30
  - dossier DMAP, téléchargement 31
  - fichiers de groupement 30, 53
  - fichiers de manifeste 30, 53
- fichiers de définition des bases 65
- fichiers de filtrage 65
- fichiers de sortie 65
- fichiers de sortie du balayage
  - GTC, IDAT 69
- fichiers de sortie, balayage
  - GTC, IDAT 69
- fichiers GTC 69
- fichiers InterOp 44, 65
- fichiers journaux
  - GlobalLog 61
  - LaneNLog 61
- fichiers locs 65
- filtre à air 40
- filtre de pureté 63
- flow cell
  - réhybridation 49
- Flow Cell
  - broches d'alignement 23
  - emballage 18
  - imagerie 67
  - nettoyage 18
  - nommage des fichiers d'image 68
  - numéro de strie 67
  - numérotation des lignes 66
  - numérotation des plaques 67
  - paires de lignes 8
  - plaques 66
  - présentation 8

- types 1
- flux de travail
  - cartouche de réactifs 17, 25
  - cartouche de tampon 24
  - connexion à BaseSpace Sequence Hub 21, 51
  - considérations relatives à l'indexage 63
  - durée de l'analyse 17
  - Flow Cell 23
  - hypochlorite de sodium 38
  - indicateurs de l'analyse 27
  - Local Run Manager 21
  - mode Local Run Manager 21
  - mode manuel 22
  - NCS 21
  - option de chargement avancé 13
  - porte du compartiment de Flow Cell 20
  - préparation de la Flow Cell 18
  - puce BeadChip 33
  - réactifs usagés 23
  - séquençage 61
  - vérification avant analyse 26, 34
- flux de travail de séquençage 61
- formamide, position 6 26
- formation en ligne 2

## G

- génération du modèle 62
- gérer l'instrument
  - arrêter 43

## H

- hypochlorite de sodium, lavage 38

## I

- icônes
  - erreurs et avertissements 5
  - état 5
  - réduire le NCS 5
- imagerie, séquençage à deux canaux 63
- indicateurs
  - cycles d'intensité 27
  - cycles de densité des amplifiats 27
  - définition des bases 63
  - indicateurs de l'analyse 27
- instrument
  - bouton d'alimentation 6

- démarrage 11
  - paramètres de configuration 56
- intensités 63
- interrupteur 11

## L

- lavage
  - automatique 28
  - composants du lavage 37
  - consommables fournis par l'utilisateur 37
  - lavage manuel 37
- lavage après analyse 28
- lavage de l'instrument 37
- Local Run Manager 21
  - créer une analyse 17
  - modules 20
- logiciel
  - créer une analyse 17
  - durée de l'analyse 17
  - initialisation 11
  - mise à jour automatique 42
  - mise à jour manuelle 42
  - paramètres de configuration 56
- logiciel BlueFuse Multi 1
- logiciel Real-Time Analysis 1
  - résultats 65
- logiciel Sequencing Analysis Viewer 16
- logiciels
  - analyse d'image, définition des bases, logiciel de commande 4
  - sur instrument 4
- longueur de lecture 17
- lReal-Time Analysis 4

## M

- maintenance de l'instrument
  - consommables 14
- maintenance préventive 37
- maintenance, préventive 37
- message d'erreur RAID 56
- mise à jour du logiciel 41
- mise en phase 62
- mise en préphase 62
- mode d'analyse
  - Local Run Manager 21
  - manuel 21-22
- mode manuel
  - créer une analyse 17
- modules, Local Run Manager 20

## N

- NextSeq 550Dx
  - arrêt 73
  - arrêter l'instrument 74
  - bouton d'alimentation 72
  - démarrage de l'instrument 72
  - indicateurs de mode 73
  - initialisation du logiciel 72
  - logiciel Local Run Manager 71
  - nom d'utilisateur et mot de passe du système 72
  - quitter Windows 74
  - redémarrage 73-74
  - redémarrage de l'instrument 73
  - redémarrage de l'instrument en mode diagnostic 73
  - redémarrage en mode recherche uniquement 74
  - nom d'utilisateur et mot de passe 11
  - nom d'utilisateur et mot de passe du système 11
- numérotation des caméras 67
- numérotation des lignes 66
- numérotation des plaques 67
- numérotation des stries 67

## O

- option de chargement avancé 13

## P

- paires de lignes 66
- paramètres d'analyse
  - mode Local Run Manager 21
  - mode manuel 22
  - modifier les paramètres 21
- paramètres de configuration 56
- passant le filtre (PF) 63
- porte du compartiment de Flow Cell 20
- puce BeadChip
  - adaptateur 6, 32
  - chargement 33
  - échec de l'enregistrement 52
  - impossible de lire le code à barres 51
  - orientation du code à barres 32

## R

- réactifs
  - mise au rebut adéquate 25
- réactifs usagés
  - mise au rebut 23, 39
  - réservoir plein 49
- réhybridation de primer 49
- réhybridation, lecture 1 49
- RTA v2
  - arrêt 60
- RTA2
  - gestion des erreurs 61
- RTAv2
  - présentation 60
- RunInfo.xml 44, 65

## S

- scores de qualité 64
- séquençage
  - consommables fournis par l'utilisateur 14
- séquençage, fichiers de sortie 65
- Service de surveillance Illumina Proactive 13

## T

- tableaux de qualité 64
- transfert des données
  - données de balayage 36
  - icônes d'activité 28
  - Universal Copy Service 28

## U

- Universal Copy Service 28

## V

- vérification avant analyse 26, 34
- vérification du système 53
- vignettes 65

## W

- Windows
  - accès 5
  - mot de passe 6

# Assistance technique

Pour obtenir de l'assistance technique, communiquez avec l'assistance technique d'Illumina.

Site Web : [www.illumina.com](http://www.illumina.com)  
Courriel : [techsupport@illumina.com](mailto:techsupport@illumina.com)

Numéros de téléphone de l'assistance clientèle d'Illumina

Région	Sans frais	Regional (Régional)
Amérique du Nord	+ (1) 800 809 4566	
Allemagne	+ (49) 8001014940	+ 49 8938035677
Australie	+ (1) 800 775 688	
Autriche	+ (43) 800 006 249	+ (43) 19286540
Belgique	+ (32) 80077160	+ (32) 34002973
Chine	400 066 5835	
Corée du Sud	+ (82) 80 234 5300	
Danemark	+ (45) 80820183	+ (45) 89871156
Espagne	+ (34) 911899417	+ (34) 800300143
Finlande	+ (358) 800918363	+ (358) 974790110
France	+ (33) 805102193	+ (33) 170770446
Hong Kong, Chine	800960230	
Irlande	+ (353) 1800936608	+ (353) 016950506
Italie	+ (39) 800985513	+ (39) 236003759
Japon	0800 111 5011	
Norvège	+ (47) 800 16836	+ (47) 21939693
Nouvelle-Zélande	0800 451 650	
Pays-Bas	+ (31) 8000222493	+ (31) 207132960
Royaume-Uni	+ (44) 8000126019	+ (44) 2073057197
Singapour	+ 1 800 579 2745	
Suède	+ (46) 850619671	+ (46) 200883979
Suisse	+ (41) 565800000	+ 41 800200442
Taïwan, Chine	00806651752	
Autres pays	+ (44) 1799 534 000	

Fiches signalétiques (SDS) – Disponibles sur le site Web d'Illumina à l'adresse [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

Documentation sur les produits – Disponible en téléchargement sur le site [support.illumina.com](http://support.illumina.com).



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

**Destiné à la recherche uniquement.  
Ne pas utiliser dans le cadre d'examens diagnostiques.**

© 2021 Illumina, Inc. Tous droits réservés.

**illumina**<sup>®</sup>