

NovaSeq™ XおよびNovaSeq X Plus システム

驚異的なスループット、革新的な経済性およびこれまでにない
サステイナビリティ



優れたスループットおよび精度

優れたスループットと精度を提供し、
より大規模な研究や野心的な
プロジェクト、データ集約型メソッドを
実施

総コストの削減

ケミストリーとインフォマティクス、
操作の簡便化、効率化された
ワークフローにおけるブレークスルー
イノベーションにより、総所有コストを
削減

サステイナブルなイノベーション

凍結乾燥試薬により梱包サイズ、重量、
プラスチック量および廃棄物を大幅に
減少することで環境への影響を最小限
に抑制

はじめに

ゲノミクスの先見者たちは、次世代シーケンサー (NGS) でできるこの限界を広げようとしています。最も複雑な生物学的疑問に応えるには、より大規模な研究と、希少な遺伝的事象を同定するためのより深いシーケンスによって可能になる統計的パワーの向上が必要です。より包括的な見解を得るための幅広いシーケンスマソッドおよびマルチオミクスも必要です。NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステム (NovaSeq Xシリーズ) に搭載されたテクノロジーの進歩により、膨大なスループットと生産性が向上し、1年あたり最大数万ゲノムのシーケンスが可能になります。シーケンスの経済性に変革がもたらされることにより、ゲノムサイエンティストがこれまで手が届かないと考えていたプロジェクトを実現させることができます (図1)。

NovaSeq Xシリーズで、イルミナは精度とユーザビリティーの基準を定め続けます。ケミストリー、光学およびソフトウェアにおける革新的な進歩を組み合わせ、これまでにないスピード、データ品質およびサステイナビリティをもたらします。ワークフローの柔軟性、効率性、利便性を損なうことなく、卓越したスループットとスケーラビリティを手にすることができます。



図1:NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステム

イルミナのイノベーションは、新しい科学的洞察を推進するハイスループットゲノミクスへのアクセスを拡大し続けています。

非常に高精度の大規模ゲノミクスを推進するためのイノベーション

NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは、多くのデータを扱うアプリケーションを実行し、大きな規模で意義のある洞察を得るために必要なスループットと精度を備えています。NovaSeq Xシリーズの性能は、NovaSeq 6000システムと比較して、ギガベース (Gb)あたり最大60%コストを削減します。¹ NovaSeq X Plusシステムはイルミナの最もパワフルなシーケンスシステムであり、デュアルフローセルランあたり最大16テラベース (Tb) (最大520億シングルリード) を出力します。^{*} NovaSeq Xシステムは、ランあたり165 Gbから8 Tb (最大260億シングルリード) の出力範囲のあるシングルフローセル構成が特徴です^{*} (図2、図3および表1)。[†]

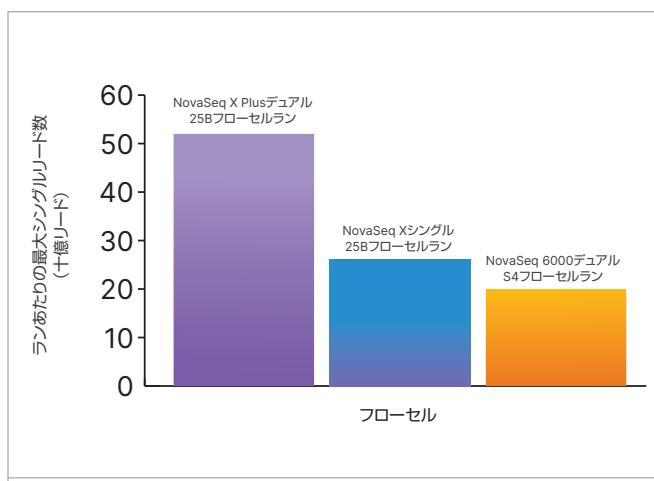


図2:NovaSeq X Plusシステムによりシーケンス出力を最大化

NovaSeq X Plusシステム (デュアル25Bフローセルラン)、NovaSeq Xシステム (シングル25Bフローセルラン) およびNovaSeq 6000システム (デュアルS4フローセルラン) での数十億リードにおけるシングルランあたりの最大出力の比較。¹ ライブライバーの種類、ユーザーの最適化、ランの性能によっては、実際の出力が高くなる場合があります。

* ライブライバーの種類、ユーザーの最適化、ランの性能によっては、NovaSeq Xシリーズの実際の出力が高くなる場合があります。

† 将来のスケーラビリティを確保するために、NovaSeq Xシステムをご購入するお客様は、デュアルフローセル性能に対応する必要が生じた場合、NovaSeq X Plusシステムにアップグレードできます。

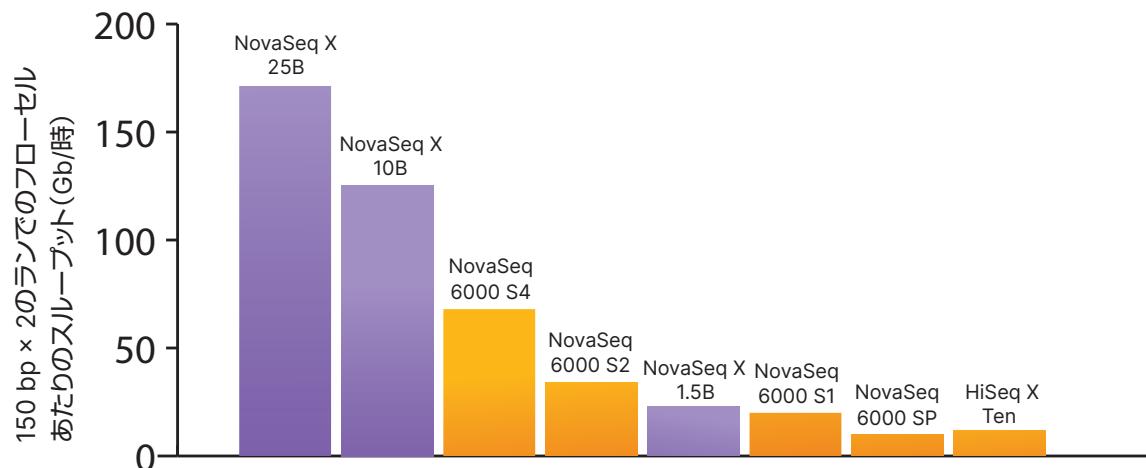


図3: NovaSeq Xシリーズは最大のシーケンススループットを提供

NovaSeq Xシリーズ1.5B、10B、25Bフローセル、NovaSeq 6000 SP、S1、S2、S4フローセル¹、HiSeqTM X Tenでの1時間あたりのシングルフローセルごとの出力の比較。² ライブライバーの種類、ユーザーの最適化、ランの性能によっては、実際の出力が高くなる場合があります。

3種類のフローセルタイプで、デュアルフローセルランあたり128以上の30×カバレッジでのヒトゲノム、最大1,500エクソームまたは1,000以上のトランスクリプトームを解析する、スケーラブルなスループットに対応します（表2）。数々の技術的なイノベーションにより、この新しいレベルでのシーケンスが可能になっています。

- 固定位置に配された数百億のナノウェルの超高密度パターン化フローセルにより、フローセルあたり最大260～350億のシングルリード（520～700億ペアエンドリード）に対応[‡]
- 超高解像度画像取得のための高開口数、カスタムハイスピードカメラおよび青緑光学により、スループットとデータ品質を最大化
- 進化したベースコーリングアルゴリズム、受賞歴のある精度とスピードのDRAGENTM二次解析（内蔵型またはクラウド）との統合^{3,4}

NovaSeq Xシリーズは、これまでで最速かつ最高品質で、最も堅牢なSequence by Synthesis (SBS) ケミストリーである、イルミナのXLEAP-SBSTMケミストリーを採用しています。XLEAP-SBSケミストリーは、最も広く採用されているSBSケミストリーの実績ある基盤を基に⁵、性能の点で大幅な改良がなされています。XLEAP-SBSのスクレオチドは新規色素、リンカー、およびブロッキングを使用し、耐熱性が向上し、溶液中で50倍以上の安定性があり、凍結乾燥時に

500倍以上の安定性があります。加水分解が50倍低下し、ブロッキング切断が3倍高速になったことで、フェージングとプレフェージングが低下し、精度が大幅に改善されました。新しいXLEAP-SBSポリメラーゼはより速く、これまでにない高いフィデリティでスクレオチドを取り込むように設計されています。これらのイノベーションにより、標準的なSBSよりも最大2倍速いサイクル時間と最大3倍高い精度を実現します。⁶

実績ある精度

XLEAP-SBSケミストリーは真の「1塩基ごとのシーケンス」を実施するために可逆的ターミネータースクレオチドを使用します。これにより、繰り返し配列領域（ホモポリマー）のエラーやコールミスが大幅に抑えられます。⁷ また、XLEAP-SBSケミストリーはペアエンドシーケンスにも対応しており、ゲノム再配列、繰り返し配列エレメント、融合遺伝子および新規転写産物の検出が容易になります。リードペアとしてアライメントされた配列によって、より正確なリードのアライメントが可能となり、シングルリードデータでは困難である、挿入欠失（Indel）バリエントを検出できます。⁸

[‡] 出力仕様の上限範囲での性能は保証されていません。実際の出力は、ライブライバーの種類、サンプルの種類、およびランの最適化によって異なります。

表1: NovaSeq Xシリーズの性能パラメーター^a

フローセル	1.5B	10B	25B
シングルフローセルランあたりの出力 ^{a,b}			
50 bp × 2	~165~238 Gb	~1~1.3 Tb	~2.6~3.5 Tb
100 bp × 2	~330~476 Gb	~2~2.7 Tb	~5.3~7 Tb
150 bp × 2	~500~716 Gb	~3~4 Tb	~8~10.5 Tb
デュアルフローセルランあたりの出力 ^{a,b,c}			
50 bp × 2	~330~476 Gb	~2~2.6 Tb	~5.2~7 Tb
100 bp × 2	~660~952 Gb	~4~5.4 Tb	~10.6~14 Tb
150 bp × 2	~1~1.4 Tb	~6~8 Tb	~16~21 Tb
フローセルあたりのバスフィルターリード数 ^{a,b}			
シングルリード	~16~24億	~100~130億	~260~350億
PEリード数	~32~48億	~200~260億	~520~700億
装置ランタイム ^{a,d}			
50 bp × 2	~17時間	~18時間	~25時間
100 bp × 2	~20時間	~22時間	~38時間
150 bp × 2	~23時間	~25時間	~48時間
クオリティスコア ^{a,e}			
50 bp × 2	Q30以上の塩基が90%以上		
100 bp × 2	Q30以上の塩基が85%以上		
150 bp × 2	Q30以上の塩基が85%以上		

a. 仕様は最適クラスター密度でのイルミナPhiXコントロールライプラリーまたはヒトリファレンスDNA (Coriell、カタログ番号: NA12878) を用いて生成したTruSeq™ DNAライプラリーに基づいています。性能はライプラリーの種類、クオリティ、インサートサイズ、ローディング濃度、およびその他の実験要因に応じて異なることがあります。性能メトリクスは変わることがあります。

b. 出力仕様の上限範囲での性能は保証されていません。実際の出力は、ライプラリーの種類、ユーザーの最適化、およびランの性能によって異なります。

c. デュアルフローセルランはNovaSeq X Plusシステムでのみ利用可能です。

d. ランタイムは自動オンボードクラスター形成、シーケンス、自動ポストランウォッシュおよびベースコーリングを含みます。

e. クオリティスコア (Qスコア) は、ベースコーリングにおけるエラー確度の予測指標です。Q30以上の割合はラン全体の平均値を示します。

意義のある洞察を大きな規模で提供

他に類のないアプリケーションの幅広さと革新的な性能を備え、NovaSeq Xシリーズはハイスループットシーケンスの限界を塗り替え、ゲノミクス研究の前進を推し進めます。ラン時間の高速化は、重要なサンプルに対して迅速に答えが得られることを意味します。優れたスループットにより、プロジェクトはより効率的に完了します。幅広い研究デザインと大規模なサンプルポートから、統計学的検出力を増やすことができます。さまざまな条件下や時点でより多くの検体を研究でき、細胞と生体系の動的な特性を明らかにできます。シングルセル、空間的、プロテオミクス、またはその他のマルチオミクス研究は、より多くの細胞、より高い解像度、または複数のモダリティに対象範囲を拡大することができます。高解像度で見解を得るために、リード数を最大にし、シーケンス深度を深めることで、低頻度のシグナルやバリエントを検出できます。

変革をもたらす経済性と生産性の向上

NovaSeq Xシリーズはハイスループットシーケンスのための最良の総所有コストをサポートします。Gbあたりのコストの大幅な削減だけでなく、操作の簡便性、統合型データ解析、サステイナビリティの面での進歩および世界クラスのサポートを含むワークフロー全体を通して、NovaSeq Xシリーズはコストの効率化を追求します(図4)。

表2:主要アプリケーションのサンプルスループットの見積もり^a

フローセルタイプ	シングルフローセルランあたり			デュアルフローセルランあたり ^b		
	1.5B	10B	25B	1.5B	10B	25B
ヒトゲノムの数	~4	~24	~64	~8	~48	~128
エクソームの数	~41	~250	~750	~82	~500	~1,500
トランスクリプトームの数	~30	~200	~520	~60	~400	~1,040

a. すべてのサンプルスループットは、フローセルの出力下限範囲に基づく概算値です。ヒトゲノムでは、30×以上のカバレッジを得るためにサンプルあたり120 Gb超のデータを想定しています。エクソームは100×以上のカバレッジを得るためにサンプルあたり約8 Gbのデータを想定しています。トランスクリプトームは50 Mリード以上を想定しています。使用するライブラリー調製キットによってスループットが変わることがあります。性能メトリクスは変わることがあります。

b. デュアルフローセルランはNovaSeq X Plusシステムでのみ利用可能です。



最高のユーザーエクスペリエンス

NovaSeq Xシリーズワークフローは、プロジェクトの完了に必要な時間と労力を最小限に抑えるためにあらゆる点が最適化されています（図5）。NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは、次のような人間工学設計とユーザビリティーイノベーションを豊富に取り込んでいます。

- 一目で分かるラン進行状況の明示や装置の詳細なシーケンス性能メトリクスの確認のための特大サイズの4K解像度のタッチスクリーン
- 試薬の融解を視覚的に確認する「融解確認窓」を備えたロード&ランの試薬カートリッジ
- フローセルレーンは個別に対処可能で、独立したレーンに自動でローディング。最大8レーンにわたってプロジェクトとサンプルを簡単に分割することが可能
- 必要なライブラリーインプット量は4分の1となり[§]、貴重なサンプルのウルトラディープシーケンスや、困難なサンプルタイプに対する新しいアプリケーションに対応可能
- 自動オンボードクラスター形成とポストランウォッシュの自動化によりシーケンスワークフローを効率化
- 主要なアプリケーションに対してタッチレスの二次解析を設定する柔軟なランプランニングオプション（図6）
- 取り扱いが容易な軽量試薬、バッファーカートリッジおよび廃液容器
- 格納式キーボード、ローディングをガイドするための消耗品用引き出しの点灯サイン

 illumina.com/TourNovaSeqXでバーチャルツアーを体験できます



図5：簡単な操作

NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムの多くの機能は、シーケンスワークフローを簡便にするようにデザインされており、これには高解像度のタッチスクリーン式インターフェースやロード&ラン操作用の調製済み試薬が含まれます。

§ NovaSeq 6000システムの搭載ワークフローとの比較

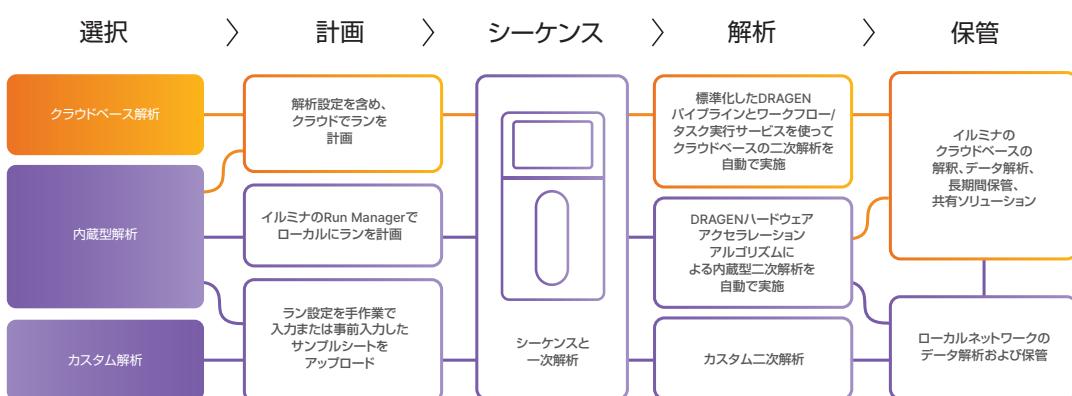


図6：柔軟なインフォマティクス

NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは、ランセットアップ、ラン管理、データ解析に対してローカル（紫色）およびクラウドベース（オレンジ色）の両方のオプションがあり、お客様の好みでシーケンス方法を実行できます。

効率化された包括的なインフォマティクス

内蔵されたDRAGENチップは演算を高速化し、ロスレスデータ圧縮アルゴリズム性能を搭載しています。DRAGENオリジナルリードアーカイブ(ORA)はFASTQ (fastq.gz) ファイルを最大5倍まで自動で圧縮し、データ転送の高速化とデータ管理の簡便化を実現します。小さなデータフットプリントでもストレージとエネルギー消費のコストを削減します。

並列計算構造を持つDRAGEN二次解析は、マルチゲノム(グラフ)マッパーと機械学習を使用して、系統的に精度を高めます。^{3,4} NovaSeq Xシリーズに統合されているため、DRAGENプラットフォームは、内蔵型またはクラウド上のどちらでも、並行して複数の二次解析パイプラインを実行できます。1回のランでフローセルあたり同時に最大4つのアプリケーションを実施します。自動二次解析パイプラインには次のようなものがあります。

- 全ゲノムシーケンス用DRAGEN Germline
- 全ゲノムシーケンス用DRAGEN Somatic
- 全エクソームシーケンス用DRAGEN Enrichment
- 全トランスクリプトームシーケンス用DRAGEN RNA
- メチル化シーケンス用DRAGEN Methylation

これら主要なアプリケーションは、ライブラリーから解析まで包括的なワークフローに対応します(表3)。

革新的なサステイナビリティへのイノベーション

NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは環境への影響を低減するように設計されました。XLEAP-SBS試薬の堅牢性と安定性の改善により、凍結乾燥形態での輸送と保管が可能となりました。このイノベーションにより、サステイナビリティとユーザー エクスペリエンスの観点において重要な利点がもたらされます。

- ドライアイスやアイスパックの必要性をなくした常温配送により、廃棄物を削減し開梱時間を短縮
- 納品後または融解後にすぐに使用できる消耗品を用いた効率的なワークフローにより、ハンズオンタイムを最小化
- カートリッジ体積を50%以上削減し、冷凍庫および保管スペースを最適化[†]
- キット重量を10 lb (約4.5 kg) に軽量化し、取り扱いやすさを向上
- 簡単に分解できるリサイクル可能な部品で、廃棄を容易にし、梱包廃棄物を約90%削減
- リサイクル可能なプラスチックと、96%がサトウキビ由来のバイオポリマー製バッファーカートリッジで、プラスチック使用量を50%以上削減[†]

[†] NovaSeq 6000試薬キットとの比較

表3: NovaSeq Xシリーズの高密度シーケンスアプリケーションのライブラリー調製から解析までのワークフローの例

アプリケーション	ライブラリー調製	シーケンス	データ解析
全ゲノムシーケンス	Illumina DNA PCR-Free Prep	NovaSeq X 1.5B、10Bまたは25Bフローセル、300サイクルキット	DRAGEN Germline DRAGEN Somatic
全エクソームシーケンス	Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment	NovaSeq X 1.5B、10Bまたは25Bフローセル、200サイクルキット	DRAGEN Enrichment
トランスクリプトームシーケンス	Illumina Stranded Total RNA Prep Illumina Stranded mRNA Prep Illumina RNA Prep with Enrichment	NovaSeq X 1.5B、10Bまたは25Bフローセル、200サイクルキット	DRAGEN RNA
メチル化シーケンス	Illumina DNA Prep	NovaSeq X 1.5B、10Bまたは25Bフローセル、200サイクルキット	DRAGEN Methylation Pipeline

信頼されるテクノロジー、信頼されるパートナー

選ばれるNGSプラットフォームプロバイダーとして、イルミナは世界中に25,000台以上のシーケンスシステムを送り出してきました。42万以上の査読付き論文で引用されているイルミナのNGSは、その他のすべてのNGSプラットフォームを合わせた数の5倍の頻度で引用されています。⁹ 数十年もの専門知識を基に、イルミナはイノベーションと、未来のNGS性能とアプリケーションの構築に絶え間なく貢献しています。NovaSeq Xシリーズはゲノムテクノロジーにおけるイルミナの継続的リーダーシップを立証しています。

お客様の成功に対する責任

お客様が確信を持って投資することができ、最大の性能を達成し、中断を最小限に減らすために、イルミナでは、ライブラリー調製、シーケンス、解析に精通した経験豊富なサイエンティストで構成された世界トップレベルのサポートチームを用意しています。テクニカルサポートは、お電話でのお問い合わせについては週5日、オンラインサポートについては24時間365日（夜間・土日祝日は英語のみでの対応）、世界中どこからでも複数の言語でご利用いただけます。お近くの大都市圏から迅速な応答時間で対応します。イルミナは、成熟した世界的製造インフラによって実現できる優れた製品一貫性、供給および品質を提供します。

製品情報

システム	カタログ番号
NovaSeq Xシステム	20084803
NovaSeq X Plusシステム	20084804
シーケンス試薬キット	カタログ番号
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (100 cycles)	20104703
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (200 cycles)	20104704
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (300 cycles)	20104705
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (100 cycles)	20085596
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (200 cycles)	20085595
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles)	20085594
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (100 cycles)	20125967
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (200 cycles)	20125968
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (300 cycles)	20104706

まとめ

NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは優れたシーケンスパワーを提供し、全ゲノムシーケンス、シングルセルシーケンス、マルチオミクスなど、データを集約して取得するアプリケーションに力を与えます。XLEAP-SBSケミストリーや内蔵型のDRAGEN二次解析を含む、数多くの技術的イノベーションにより、ゲノムサイエンティストにとって最大のスループットと精度が実現します。NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムによって経済性に変革がもたらされ、それがゲノムに関する知識の新時代を推進し、人々の健康の向上につながります。

詳細は[こちら →](#)

[NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステム](#)

[DRAGEN二次解析](#)

NovaSeq Xシリーズシステム仕様

パラメーター	仕様
装置の構成	コンピューターおよび4Kタッチスクリーンディスプレイ 設置、設定および付属品 データ収集および解析ソフトウェア
内蔵制御コンピューター	ベースユニット: AMD V1605b CPU搭載IEIカスタムボード メモリー: 2×16 GB DDR4 SODIMM ハードドライブ: なし ソリッドステートドライブ: 480GB M.2 オペレーティングシステム: Oracle 8
装置コンピューターエンジン	ベースユニット: デュアルAMD 7552 CPU搭載IEIカスタムボード メモリー: 8×64 GB + 8×128 GB DDR4 RDIMM ハードドライブ: なし ソリッドステートドライブ: 480GB M.2 + 5×12.8TB U.2 オペレーティングシステム: Oracle 8
動作環境	温度: 15°C~30°C、1時間の変化は2°C未満 湿度: 20%~65%の相対湿度、結露なきこと 高度: 2,000 m (6,500フィート) 未満 換気: 装置の最大熱出力9,200 BTU/時および平均熱出力7,507 BTU/時 屋内で使用のこと
レーザー光	クラス1レーザー製品 532 nm (最大電力4.5 W)、457 nm (最大電力6 W)
RFID	動作周波数: 13.56 MHz、出力200 mW
寸法	幅×奥行×高さ: 86.4 cm×93.3 cm×158.8 cm 乾燥重量 (UPSを除く): 1171 lb (531 kg) 乾燥重量 (UPSを含む): 1253 lb (568 kg) 梱包重量: 1,591 lb (722 kg) 付属荷台重量: 525 lb (238 kg)
電源要件	200–240 VAC 50/60 Hz, 15 A単相 使用地域に対応した無停電電源装置 (UPS) を提供 最小アンペア数要件は地域の電圧に応じて異なることがある
ネットワーク接続	装置とデータ管理システム間はRJ-45 (装置から) を用いる専用の10 GBE接続 (10GBASE-T) 直接またはネットワーク経由で接続
ネットワーク接続の帯域幅	一次解析データの場合: ローカルネットワークのアップロードには800 メガビット/秒/装置 BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analyticsのアップロードには800 メガビット/秒/装置 システムの運用データアップロードには15 メガビット/秒/装置 二次および三次解析データの場合: ローカルネットワークのアップロードには3.2 ギガビット/秒/装置 BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analyticsのアップロードには3.2 ギガビット/秒/装置 システムの運用データアップロードには15 メガビット/秒/装置

参考文献

1. Illumina. NovaSeq 6000 System specification sheet. illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketingliterature/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271/novaseq6000-spec-sheet-m-gl-00271.pdf. Published 2017. Updated 2022. Accessed November 6, 2025.
2. Illumina. HiSeq Sequencing Systems specification sheet. illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/products/datasheets/datasheet_hiseq_systems.pdf. Published 2011. Accessed November 06, 2025.
3. Mehio R, Ruehle M, Catreux S, et al. DRAGEN wins at PrecisionFDA truth challenge v2 showcase accuracy gains from alt-aware mapping and graph reference genomes. illumina.com/science/genomics-research/articles/dragenwins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html. Published November 9, 2020. Accessed November 06, 2025.
4. Illumina. DRAGEN secondary analysis data sheet. illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketingliterature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bioit-data-sheet-m-gl-00680.pdf. Published 2018. Updated 2025. Accessed November 6, 2025.
5. Goodwin S, McPherson JD, McCombie WR. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. *Nat Rev Genet.* 2016;17(6):333–351. doi:10.1038/nrg.2016.49
6. Illumina. Presentation at JP Morgan Healthcare Conference. January 2022; San Diego, CA.
7. Bentley DR, Balasubramanian S, Swerdlow HP, et al. Accurate whole human genome sequencing using reversible terminator chemistry. *Nature.* 2008;456(7218):53–59. doi:10.1038/nature07517
8. Nakazato T, Ohta T, Bono H. Experimental design-based functional mining and characterization of high-throughput sequencing data in the sequence read archive. *PLoS One.* 2013;8(10):e77910. doi:10.1371/journal.pone.0077910
9. Data calculations on file. Illumina, Inc. 2022.

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22 階
Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810
jp.illumina.com

 www.facebook.com/illuminakk

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件 : jp.illumina.com/tc

© 2026 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc. または各所有者に帰属します。

商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.html をご覧ください。

予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

販売店

