

MiSeq™ System

Potencia concentrada. Rapidez y simplicidad para resecuenciación selectiva y secuenciación del genoma pequeño.

Puntos destacados

- Calidad de datos excepcional**
 Datos de alta calidad demostrados en comparaciones científicas revisadas por expertos
- Flujo de trabajo de instrumentos simple e intuitivo**
 El sistema, altamente automatizado, incluye un interfaz para instrumentos simple y fácil de usar
- Tiempo de procesamiento rápido**
 Secuenciación y detección de variantes rápidas, para estudios urgentes
- Amplio paquete de aplicaciones**
 Las opciones adaptables de longitud de lectura y celda de flujo ofrecen la máxima flexibilidad en una amplia gama de aplicaciones



Figura 1: MiSeq System. El compacto MiSeq System está perfectamente equipado para secuenciación de próxima generación rápida y rentable.

Introducción

MiSeq System ofrece la primera plataforma de secuenciación de ADN a datos, integrando generación de grupos, amplificación, secuenciación y análisis de datos en un único instrumento. Gracias a sus reducidas dimensiones, unos 0,2 metros cuadrados de superficie (2 pies cuadrados), cabe en prácticamente cualquier entorno de laboratorio (Figura 1). MiSeq System utiliza la tecnología de secuenciación por síntesis (SBS) de Illumina, los procesos químicos de secuenciación de próxima generación más usados en todo el mundo.¹ Con la potencia de la secuenciación de próxima generación (NGS) y un tamaño compacto, MiSeq System es la plataforma idónea para análisis genético rápido y rentable.

Flujo de trabajo de instrumentos simple e intuitivo

MiSeq System ofrece un software de control de instrumentos sencillo y fácil de seguir. Podrá realizar operaciones con los instrumentos mediante una interfaz de pantalla táctil intuitiva, conectar y empezar usar los cartuchos de reactivos con seguimiento de RFID, consultar tutoriales de vídeo en pantalla, y disfrutar de orientación paso a paso en todos los flujos de trabajo de secuenciación. Cada MiSeq System incluye análisis de datos integrado y acceso a Sequence Hub de BaseSpace™ (la plataforma de análisis genómico de Illumina). BaseSpace ofrece carga de datos en tiempo real, herramientas sencillas de análisis de datos, supervisión de experimentos por internet y una solución de almacenamiento segura y flexible. Un paquete de herramientas de análisis de datos y una lista creciente de aplicaciones de análisis de terceros que permiten a los investigadores llevar a cabo sus propios procesamientos informáticos. BaseSpace también permite compartir datos con los colegas o clientes de forma fácil y sencilla.



Figura 2: Flujo de trabajo MiSeq. El flujo de trabajo optimizado de MiSeq System permite un tiempo de procesamiento rápido para secuenciación de sobremesa de próxima generación. Las bibliotecas pueden prepararse con cualquier kit de preparación de bibliotecas Nextera. En las cinco horas y media de secuenciación están incluidas la generación de grupos, la secuenciación y la llamada de bases con puntuación de calidad con adquisición de imágenes de las dos superficies en un experimento de un par de bases de 2×25 en un MiSeq System con el software MiSeq Control.

Tabla 1: Parámetros de rendimiento de MiSeq System

Longitud de lectura	Tiempo total ^a	Resultado	Puntuaciones de calidad ^b	Lecturas únicas ^c	Lecturas "paired-end" ^{cc}
Kit de reactivos de MiSeq v2					
2 x 25 pb	~5,5 horas	750–850 Mb	>90 % de bases superior a Q30		
2 x 150 pb	~24 horas	4,5–5,1 Gb	>80% de bases superior a Q30	12–15 M	24-30 M
2 x 250 pb	~39 horas	7,5-8,5 Gb	>75% de bases superior a Q30		
Kit de reactivos de MiSeq v3					
2 x 75 pb	~21 horas	3,3-3,8 Gb	>85% de bases superior a Q30	22-25 M	44-50 M
2 x 300 pb	~56 horas	13,2-15 Gb	>70% de bases superior a Q30		
Kit de reactivos MiSeq v2 Micro					
2 x 150 pb	~19 horas	1,2 Gb		4 M	8 M
Kit de reactivos MiSeq v2 Nano					
2 x 150 pb	~17 horas	300 Mb		1 millón	2 M
2 x 250 pb	~28 horas	500 Mb			

- a. Los tiempos totales incluyen la generación de grupos, la secuenciación y la llamada de bases en un MiSeq System habilitado con adquisición de imágenes de las dos superficies.
- b. El porcentaje de bases > Q30 se promedia en todo el experimento.
- c. Especificaciones de instalación basadas en la biblioteca de control PhiX de Illumina a densidades de grupo compatibles entre grupos que superan el filtro de 467-583 k/mm² para los procesos químicos v2 y de grupos que superan el filtro de 727-827 k/mm² para los procesos químicos v3. Los parámetros de rendimiento reales pueden variar en función del tipo de biblioteca, la calidad de la biblioteca y los grupos que superan el filtro.
- ppares de bases = pb, megabases = Mb, gigabases = Gb, millones = M

Tiempo de procesamiento rápido

Para obtener resultados en horas en lugar de en días, la combinación de la rápida preparación de bibliotecas y MiSeq System permite procesar fácilmente en menos tiempo (Figura 2). Prepare su biblioteca de secuenciación en solo 90 minutos con los reactivos de preparación de bibliotecas de Nextera™ XT, luego pase a los procesos automatizados de amplificación clónica, secuenciación y llamada de bases con puntuación de calidad, todo en solo 5,5 horas en el instrumento MiSeq. La alineación de secuencias puede completarse directamente en el ordenador del instrumento integrado con el software Local Run Manager de MiSeq o mediante BaseSpace Sequence Hub en menos de tres horas.

Calidad de datos excepcional

Los procesos químicos SBS de Illumina son la tecnología de secuenciación de próxima generación más utilizada del mundo. Se logra una calidad de datos excepcional mediante los procesos químicos de SBS: un método exclusivo basado en terminadores reversibles que permite secuenciar de forma paralela a gran escala de miles de millones de fragmentos de ADN y detectar bases individuales cuando se incorporan a cadenas de ADN en crecimiento. Los colorantes fluorescentes de los terminadores se fotografían con la adición de cada dNTP y, a continuación, se eliminan para permitir la incorporación de la siguiente base. Los cuatro dNTP unidos al terminador reversible están presentes en todos los ciclos, por lo que la competencia natural minimiza la tendencia a la incorporación.

Las llamadas de base se efectúan directamente a partir de las mediciones de intensidad de señal en todos los ciclos, lo que reduce significativamente la tasa bruta de error en comparación con otras tecnologías. El resultado final es una secuenciación base por base muy precisa que elimina prácticamente todos los errores de secuencias propios del contexto, incluso dentro de regiones de secuencias repetitivas o de los homopolímeros (Figura 3).²

Amplio paquete de aplicaciones

Explore una gama creciente de aplicaciones de secuenciación. Con un tiempo de procesamiento menor y flujos de trabajo simplificados, MiSeq System ofrece una alternativa rentable a la secuenciación por electroforesis capilar y qPCR para aplicaciones como la resecuenciación selectiva, comprobación de clones, secuenciación de amplicones y expresión del ARN. El software Local Run Manager y BaseSpace Sequence Hub ofrecen flujos de trabajo optimizados para análisis para secuenciación del genoma pequeño, metagenómica 16S, secuenciación del ARN, resecuenciación selectiva y análisis genético preimplantacional (AGP), así como aplicaciones de alto nivel de multiplexado, como AmpliSeq™ for Illumina. Las longitudes de lectura y opciones de celda de flujo ajustables, así como de diversas lecturas únicas o "paired-end", permiten una flexibilidad sin precedentes para un rendimiento de datos que satisfaga una amplia gama de necesidades experimentales.

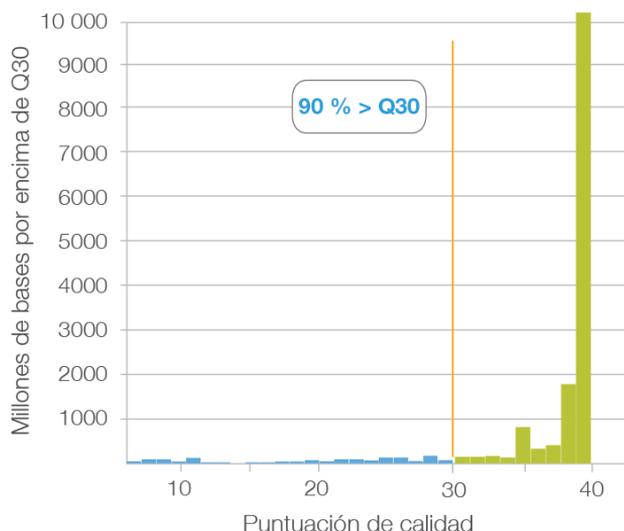


Figura 3: Distribución de la puntuación de calidad de MiSeq. Puntuaciones de calidad para una biblioteca de control PhiX, en experimento de 2 x 300 pares de bases realizado en un MiSeq System con MiSeq Control Software v2.4. Este ejemplo muestra un 90 % de bases secuenciadas por encima de Q30.

Datos para realizar pedidos

Instrument Name (Nombre del instrumento)	N.º de catálogo
MiSeq System	SY-410-1003

Información adicional

Para obtener más información sobre MiSeq System, visite www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/miseq.html.

Referencias

1. Cálculos de datos en archivo. Illumina, Inc., 2015.
2. Bentley, D. R.; Balasubramanian, S.; Swerdlow, H. P.; et ál. *Accurate Whole Human Genome Sequencing using Reversible Terminator Chemistry. Nature*. 2008;456(7218):53-59.

Tabla 2: Especificaciones de MiSeq System

Parámetro	Especificaciones
Configuración del instrumento	Seguimiento de RFID para consumibles Software MiSeq Control Software Local Run Manager
Ordenador de control del instrumento (interno) ^a	Unidad base: CPU Intel Core i7-2710QE de 2,10 GHz Memoria: 16 GB de RAM Disco duro: 750 GB Sistema operativo: Windows 7 estándar instalado
Entorno operativo	Temperatura: 22 °C ±3 °C Humedad: Sin condensación 20 %-80 % Altitud: Menos de 2000 m (6500 ft) Calidad del aire: Clasificación II de grado de contaminación Ventilación: Hasta 1364 BTU/h Para uso exclusivo en interiores
Diodo luminiscente (LED)	530 nm, 660 nm
Dimensiones	Anchura x Profundidad x Altura: 68,6 cm x 56,5 cm x 52,3 cm (27,0 in x 22,2 in x 20,6 in) Peso: 57,2 kg (126 lb) Peso con el envase: 93,6 kg (206 lb)
Requisitos de alimentación	100-240 V CA a 50/60 Hz, 10 A, 400W
Identificador de radiofrecuencia (RFID)	Frecuencia: 13,56 MHz Alimentación: 100 mW
Seguridad y cumplimiento del producto	NRTL con certificación IEC 61010-1 Marcado CE Aprobado por FCC/IC

a. Las especificaciones del ordenador están sujetas a cambio.

Illumina, Inc. • 1.800.809.4566 (llamada gratuita, EE. UU.) • Tel.: +1.858.202.4566 • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

© 2018 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea consultar información específica sobre las marcas comerciales, visite www.illumina.com/company/legal.html. N.º de pub. 770-2011-001-B ESP QB 6456.

illumina[®]