

Systeme MiSeq^{MC}

La puissance concentrée. Rapidité et simplicité pour un reséquençage ciblé et un séquençage de petits génomes.

Points forts

- Qualité de données exceptionnelle**
 Qualité de données élevée prouvée lors de comparaisons scientifiques effectuées par les pairs
- Flux de travail de l'instrument simple et intuitif**
 Système hautement automatisé offrant une interface de l'instrument simple et conviviale
- Temps de traitement court**
 Séquençage et détection de variants rapides pour les études limitées dans le temps
- Vaste série d'applications**
 Longueur de lecture ajustable et options de Flow Cell procurant une souplesse parfaite pour une vaste gamme d'applications



Figure 1 : Système MiSeq : le système MiSeq compact convient parfaitement à un séquençage nouvelle génération rapide et économique.

Introduction

Le système MiSeq offre la première plateforme de séquençage de l'ADN aux données, regroupant en un seul instrument la génération d'amplifiats, l'amplification, le séquençage et l'analyse des données. Le système prend peu de place, soit environ deux pieds carrés d'espace, ce qui permet de l'installer facilement dans tous les environnements de laboratoire (Figure 1). Le système MiSeq s'appuie sur la technologie de séquençage par synthèse (SBS) d'Illumina, la chimie de séquençage nouvelle génération la plus largement utilisée dans le monde¹. Grâce à la puissance du séquençage nouvelle génération (SNG) offert dans un format compact, le système MiSeq est la plateforme idéale pour des analyses génétiques rapides et économiques.

Flux de travail de l'instrument simple et intuitif

Le système MiSeq comprend un logiciel de commande de l'instrument simple et convivial. Effectuez les opérations de l'instrument à l'aide d'une interface intuitive sur écran tactile, utilisez les cartouches de réactifs prêtes à l'emploi avec suivi RFID, consultez à l'écran les tutoriels et suivez les consignes pas à pas à chaque flux de travail de séquençage. Tous les systèmes MiSeq prennent en charge l'analyse de donnée sur site et l'accès au logiciel BaseSpace^{MC} Sequence Hub, la plateforme d'analyse génomique d'Illumina. BaseSpace offre une solution de chargement des données en temps réel, d'outils d'analyse des données simples, de surveillance d'analyse sur Internet et de capacité de stockage sécuritaire. Une série d'outils d'analyse des données et une liste croissante d'applications mise au point par des tiers permettent aux chercheurs d'effectuer eux-mêmes les traitements informatiques. BaseSpace permet aussi un partage de données simple et rapide entre collègues ou clients.

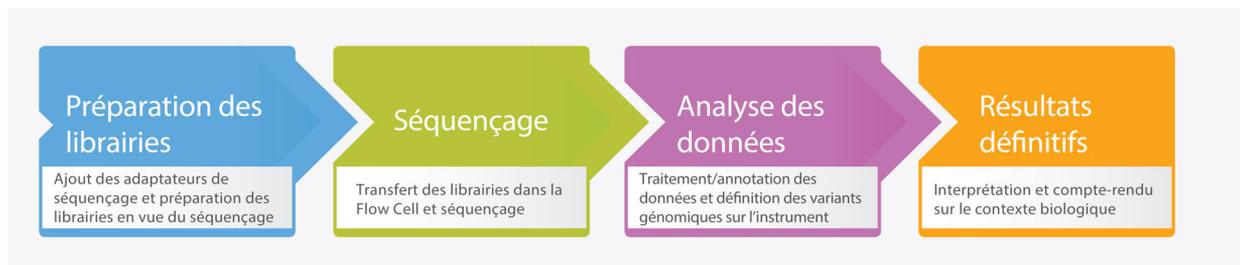


Figure 2 : Flux de travail de l'instrument MiSeq : le flux de travail simplifié du système MiSeq permet un temps de traitement rapide qui convient à un système de séquençage de table nouvelle génération. Les librairies peuvent être préparées avec la trousse de préparation de librairies Nextera. La durée de séquençage de 5,5 heures comprend le temps nécessaire à la génération d'amplifiats, au séquençage et à la définition des bases dont la qualité est notée, ainsi qu'une imagerie à double surface utilisée pour l'analyse de 2 x 25 paires de bases sur le système MiSeq, à l'aide du logiciel de commande MiSeq.

Tableau 1 : Paramètres de performance du système MiSeq

Longueur de lectures	Durée totale ^a	Rendement	Scores de qualité ^b	Lectures uniques ^c	Lectures appariées ^c
Trousse de réactifs MiSeq v2					
2 × 25 pb	Env. 5,5 heures	750 à 850 Mb	> 90 % des bases supérieures à Q30		
2 × 150 pb	Env. 24 heures	4,5 à 5,1 Gb	> 80 % des bases supérieures à Q30	12 à 15 M	24 à 30 M
2 × 250 pb	Env. 39 heures	7,5 à 8,5 Gb	> 75 % des bases supérieures à Q30		
Trousse de réactifs MiSeq v3					
2 × 75 pb	Env. 21 heures	3,3 à 3,8 Gb	> 85 % des bases supérieures à Q30	22 à 25 M	44 à 50 M
2 × 300 pb	Env. 56 heures	13,2 à 15 Gb	> 70 % des bases supérieures à Q30		
Trousse de réactifs MiSeq v2 Micro					
2 × 150 pb	Env. 19 heures	1,2 Gb		4 M	8 M
Trousse de réactifs MiSeq v2 Nano					
2 × 150 pb	Env. 17 heures	300 Mb		1 M	2 M
2 × 250 pb	Env. 28 heures	500 Mb			

a. La durée totale comprend le temps nécessaire à la génération d'amplifiats, au séquençage et à la définition des bases sur le système MiSeq, qui prend en charge l'imagerie à double surface.

b. Le pourcentage de bases supérieures à Q30 est une moyenne calculée sur l'intégralité de l'analyse.

c. Les spécifications de l'installation sont basées sur la librairie de contrôle PhiX d'Illumina aux densités d'amplifiats prises en charge situées entre 467 et 583 k/mm² d'amplifiats passant le filtre pour la chimie v2, et entre 727 et 827 k/mm² d'amplifiats passant le filtre pour la chimie v3. Les paramètres de performance réels peuvent varier en fonction du type de librairies, de la qualité des librairies et du nombre d'amplifiats passant le filtre.

paire de bases = pb, mégabases = Mb, gigabases = Gb, millions = M

Temps de traitement court

La préparation rapide de librairies combinée au système MiSeq permet un temps de traitement accéléré, et donc l'obtention des résultats en quelques heures plutôt qu'en quelques jours (Figure 2). Préparez votre librairie de séquençage en seulement 90 minutes avec les réactifs de préparation de librairies Nextera^{MC} XT; effectuez ensuite automatiquement l'amplification clonale, le séquençage et la définition des bases dont la qualité est notée en aussi peu que 5,5 heures sur l'instrument MiSeq. L'alignement du séquençage peut être effectué directement sur l'ordinateur de l'instrument avec le logiciel Local Run Manager MiSeq, ou pris en charge par BaseSpace Sequence Hub dans un délai de trois heures.

Qualité de données exceptionnelle

La chimie SBS d'Illumina est la technologie de séquençage la plus utilisée au monde. Des données d'une qualité exceptionnelle sont obtenues avec la chimie SBS, une méthode brevetée fondée sur un terminateur réversible qui permet le séquençage parallèle de masse de milliards de fragments d'ADN, détectant des bases uniques à mesure que celles-ci sont incorporées dans des brins d'ADN en formation. Les marqueurs fluorescents des terminateurs sont imagés à mesure que chaque dNTP est ajouté, puis clivé afin de permettre l'intégration de la base suivante. Les quatre dNTP liés à des terminateurs réversibles étant présents au cours de chaque cycle, la compétition naturelle minimise le biais lié à l'incorporation. La définition des bases est effectuée directement en fonction des mesures d'intensité du signal au cours de chaque cycle, ce qui réduit considérablement les taux d'erreur bruts par rapport à d'autres technologies.

Le résultat est un séquençage base par base de haute précision qui élimine les erreurs spécifiques au contexte du séquençage, y compris dans les régions de séquences répétitives et au sein des homopolymères (Figure 3)².

Vaste série d'applications

Explorez un éventail toujours croissant d'applications de séquençage. Grâce à un temps de traitement rapide et à des flux de travail simplifiés, le système MiSeq offre une solution de remplacement abordable au séquençage par électrophorèse capillaire et par la méthode qPCR pour des applications telles que le reséquençage ciblé, la vérification clonale, le séquençage d'amplicons et l'expression de l'ARN. Les logiciels Local Run Manager et BaseSpace Sequence Hub offrent des flux de travail d'analyse optimisés pour le séquençage de petits génomes, la métagenomique 16S, le séquençage de l'ARN, le reséquençage ciblé et le dépistage génétique préimplantatoire (DGP), ainsi que pour les applications hautement multiplexées comme AmpliSeq^{MC} pour Illumina. Des longueurs de lecture ajustables, des options de Flow Cell et le choix entre des lectures uniques ou appariées permettent une souplesse sans précédent pour associer les données de sortie à un large éventail de besoins expérimentaux.

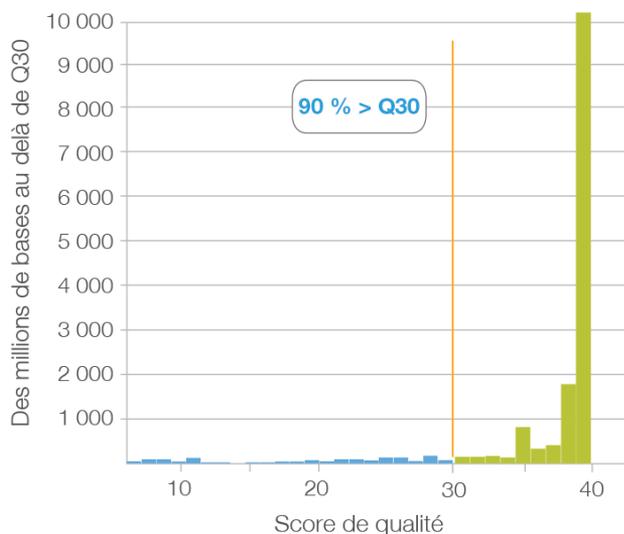


Figure 3 : Répartition des scores de qualité pour le système MiSeq : scores de qualité pour une librairie de contrôle PhiX, 2 x 300 paires de bases analysées sur le système MiSeq à partir du logiciel de commande MiSeq v2.4. Cet exemple indique que 90 % des bases séquencées ont obtenues un score de plus de Q30.

Tableau 2 : Caractéristiques du système MiSeq

Paramètre	Caractéristiques
Configuration de l'instrument	Suivi RFID pour consommables Logiciel de commande MiSeq Logiciel Local Run Manager
Ordinateur de commande de l'instrument (interne)^a	Unité de base : processeur Intel Core i7-2710QE 2,10 GHz Mémoire : 16 Go de RAM Disque dur : 750 Go Système d'exploitation : Windows 7 standard intégré
Environnement de fonctionnement	Température : 22 °C ± 3 °C Humidité : sans condensation, 20 % à 80 % Altitude : moins de 2 000 m (6 500 pieds) Qualité de l'air : degré de pollution évalué à II Ventilation : maximum de 1 364 BTU/h Réservé à un usage intérieur
Diode électroluminescente (DEL)	530 nm, 660 nm
Dimensions	LxPxH : 68,6 cm x 56,5 cm x 52,3 cm (27,0 po x 22,2 po x 20,6 po) Poids : 57,2 kg (126 lb) Poids de l'instrument emballé : 93,6 kg (206 lb)
Exigences d'alimentation	100 à 240 V CA à 50/60 Hz, 10 A, 400 W
Identification par radiofréquence (RFID)	Fréquence : 13,56 MHz Puissance : 100 mW
Sécurité et conformité du produit	Certifié NRTL CEI 61010-1 Certifié CE Conformité FCC/IC

a. Les spécifications informatiques sont susceptibles de changer.

Renseignements relatifs à la commande

Nom de l'instrument	N° de référence
Système MiSeq	SY-410-1003

En savoir plus

Pour en savoir plus sur le système MiSeq, visitez la page www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/miseq.html.

Références

1. Calcul des données internes. Illumina, Inc., 2015
2. Bentley DR, Balasubramanian S, Swerdlow HP, et al. *Accurate Whole Human Genome Sequencing using Reversible Terminator Chemistry. Nature.* 2008;456(7218):53-59.

Illumina, Inc. • 1 800 809 4566 (numéro sans frais aux États-Unis) • tél. +1 858 202 4566 • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

©2018 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. Pub. n° 770-2011-001-B FRA QB6456

illumina[®]