

iSeq^{MC} 100 Sequencing System

Le plus petit et le plus
abordable des systèmes
de séquençage d'Illumina

- Système économique pour les projets indépendants
- Génération rapide de données grâce à de courts délais d'exécution
- Exactitude des données exceptionnelle pour une sensibilité analytique élevée
- Évaluation de la qualité des bibliothèques et validation de principe commodes

illumina^{MD}

Introduction

Le séquençage de nouvelle génération (SNG) est plus facile et plus économique avec le système compact iSeq 100 d'Illumina (figure 1). Le système iSeq 100 allie la technologie des semi-conducteurs complémentaires à l'oxyde de métal (CMOS) à la précision éprouvée de la chimie de séquençage par synthèse (SBS) d'Illumina pour produire rapidement des données d'une grande précision. Le système iSeq 100 génère un débit minimum de 1,2 Go de données par analyse en 19 heures et procure la haute résolution et la grande sensibilité analytique requises pour la détection de variants et de transcrits rares^{1,2}.

Le système iSeq 100 prend peu de place et offre de grands avantages. Il permet de réaliser des analyses de petite envergure rapidement et à peu de frais sans avoir recours à des systèmes plus imposants. Grâce au système iSeq 100, les chercheurs peuvent réaliser les analyses à leur propre rythme, sans devoir attendre l'atteinte d'un lot de taille optimale pour l'utilisation d'un système à débit élevé et sans avoir recours à des sous-traitants. De plus, ils gardent le contrôle du processus de séquençage du début à la fin, ce qui leur donne une plus grande confiance en ce qui a trait à l'intégrité des échantillons et aux résultats de l'analyse des données. À un prix abordable pour la plupart des laboratoires, le système iSeq 100 constitue une solution économique pour les projets indépendants de séquençage de nouvelle génération (SNG) à petite échelle.

Flux de travail rationalisé en trois étapes

Le système iSeq 100 s'intègre dans un flux de travail rationalisé en trois étapes qui comprend la préparation des bibliothèques, le séquençage et l'analyse des données (figure 2).



Figure 1 : Le système iSeq 100 – Il tire parti de la puissance du séquençage de nouvelle génération (SNG) dans le système de séquençage de paillasse le plus abordable et compact de la gamme de produits d'Illumina.

Préparation rapide des bibliothèques

Le système iSeq 100 est compatible avec toute la gamme des trousse de préparation de bibliothèques d'Illumina. Avec les trousse de préparation de bibliothèques d'ADN Nextera^{MC} XT et Illumina DNA Prep, les chercheurs peuvent préparer des bibliothèques multiplexées en 3 ou 4 heures pour le séquençage de petits génomes ou le séquençage direct de longs amplicons. De plus, AmpliSeq^{MC} for Illumina Targeted Resequencing Solution offre du contenu conçu par des spécialistes et présenté sous forme de panels fixes prêts à l'utilisation, de panels conçus par la communauté scientifique ou de panels personnalisés répondant à des besoins précis pour la recherche. Selon la version choisie, les trousse de préparation de bibliothèques d'Illumina peuvent ne nécessiter que 1 ng d'ADN ou d'ARN (ADNc) d'entrée et prendre en charge l'ADN extrait d'échantillons fixés au formol et inclus en paraffine (FFIP), tels que des tissus tumoraux préservés.



Figure 2 : Le système iSeq 100 s'intègre dans un flux de travail rationalisé, de l'ADN aux données.

Séquençage sur le système iSeq 100

Après leur préparation, les bibliothèques à double-brin sont chargées dans une cartouche de réactifs décongelée et préremplie, qui à son tour est chargée dans le système iSeq 100. Pour lancer une analyse, il suffit de décongeler, charger et démarrer l'instrument, ce qui ne prend que cinq minutes (durée de manipulation totale). Le système iSeq 100 réalise les étapes de la dénaturation des bibliothèques, l'amplification clonale, le séquençage et l'analyse des données dans un même instrument, ce qui évite d'avoir à se procurer de l'équipement auxiliaire. L'interface utilisateur intuitive guide les chercheurs à toutes les étapes de la configuration et du lancement de l'analyse, ce qui leur permet de réaliser des analyses de séquençage aux fins de diverses applications moyennant un minimum de formation, avec un délai de configuration minimal.

Sensibilité analytique et précision exceptionnelles grâce à la technologie SBS

Le système iSeq 100 utilise la technologie SBS éprouvée d'Illumina pour fournir des données de haute qualité avec > 80 % des bases Q30 ou plus (tableau 1, figure 3). Cette méthode fondée sur un terminateur réversible détecte des bases uniques à mesure que celles-ci sont incorporées dans des brins d'ADN croissants et permet le séquençage parallèle de millions de fragments d'ADN. La chimie SBS d'Illumina exploite la compétition naturelle entre les quatre nucléotides marqués, ce qui réduit le biais lié à l'incorporation et permet un séquençage plus précis des régions répétitives et des homopolymères⁴. Comparativement au séquençage Sanger basé sur l'électrophorèse capillaire, le séquençage de nouvelle génération (SNG) peut détecter un plus large éventail de variants d'ADN, notamment les variants à faible fréquence et les variants mis en phase adjacents, tout en réduisant le temps d'obtention des résultats et le nombre d'étapes de manipulation.

Tableau 1 : Paramètres de performance du système iSeq 100^a

Configuration de l'analyse ^b	Lectures PF/analyse	Débit	Scores de qualité ^c	Durée de l'analyse ^d
1 × 36 pb	4 millions	144 Mo	> 85 %	Env. 9,5 h
1 × 50 pb	4 millions	200 Mo	> 85 %	Env. 10 h
1 × 75 pb	4 millions	300 Mo	> 80 %	Env. 11 h
2 × 75 pb	4 millions	600 Mo	> 80 %	Env. 14 h
2 × 150 pb	4 millions	1,2 Go	> 80 %	Env. 19 h

- a. Les paramètres de performance peuvent varier en fonction du type d'échantillon, de la qualité de l'échantillon et du nombre d'amplifiats passant le filtre.
 b. Il s'agit de configurations courantes de la trousse iSeq 100 i1 Reagents v2 (300 cycles).
 c. Le pourcentage de bases > Q30 est une moyenne calculée sur l'intégralité de l'analyse.
 d. La durée de l'analyse comprend la génération d'amplifiats, le séquençage, la définition des bases et l'attribution des scores de qualité.

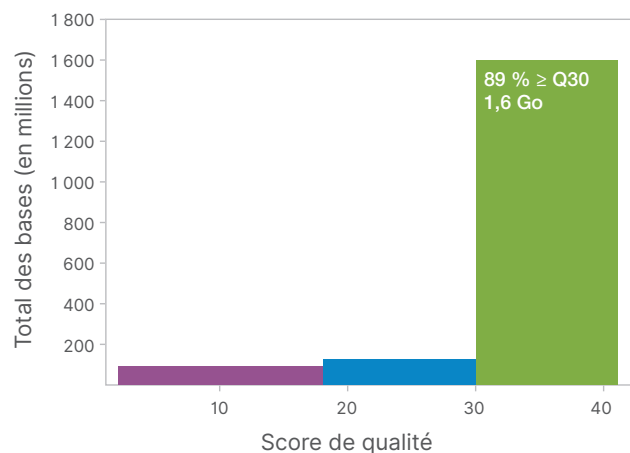


Figure 3 : Scores de qualité du système iSeq 100 – Un score de qualité (Q-score) permet de prédire la probabilité d'une erreur dans la définition des bases. Le score de qualité de 30 (Q30) est généralement considéré comme le point de référence pour les données de haute qualité³. Pour un regroupement d'échantillons microbiens analysé sur le système iSeq 100 à 2 × 151 pb, plus de 89 % des bases ont un score de qualité égal ou supérieur à Q30.

Chimie SBS à un canal hautement novatrice

Le système iSeq 100 utilise la chimie SBS éprouvée d'Illumina sur une Flow Cell structurée comportant des nanopuits fabriqués sur une puce CMOS pour fournir une chimie de séquençage à un canal. La génération d'amplifiats et le séquençage se font dans les nanopuits, qui sont alignés directement au-dessus des photodiodes CMOS (pixels). La chimie brevetée ExAmp fait en sorte qu'un seul amplifiat se forme dans chaque nanopuits. L'utilisation d'un capteur CMOS enchâssé dans le consommable est une méthode de détection simple et rapide.

La chimie SBS à un canal utilise un marqueur, deux étapes chimiques et deux images par cycle de séquençage (figure 4). Les nucléotides sont identifiés par l'analyse des différents motifs d'émissions pour chaque base, dans les deux images. Le marqueur de l'adénine peut être retiré et l'adénine n'est marquée qu'à la première image. Le groupe de liaison de la cytosine peut lier un marqueur et n'est marqué qu'à la deuxième image. La thymine a un marqueur fluorescent permanent et est donc marquée dans les deux images, et la guanine n'est jamais marquée.



Vous pouvez lire davantage sur la chimie SBS à un canal dans la [note technique sur la puce CMOS et la chimie SBS à un canal d'Illumina \(Illumina CMOS Chip and One-Channel SBS Chemistry\)](#).

Analyse simple et flexible des données

Le système iSeq 100 offre différentes options d'analyse des données, y compris les solutions sur instrument et infonuagiques. Local Run Manager, logiciel d'analyse de bord pleinement intégré, comporte une architecture modulaire adaptable aux tests actuels et futurs. Local Run Manager prend en charge la planification des analyses de séquençage, le suivi des bibliothèques et des analyses à l'aide des pistes de vérification et l'intégration des modules d'analyse de données sur instrument. Pendant que Local Run Manager s'exécute sur l'ordinateur de l'instrument, les utilisateurs peuvent suivre les progrès de l'analyse et visualiser les résultats à partir d'ordinateurs distants connectés au même réseau. Une fois l'analyse de séquençage terminée, Local Run Manager lance automatiquement l'analyse des données à l'aide de l'un des modules d'analyse propres à l'application. Les modules peuvent générer des données d'alignement et identifier des variants mononucléotidiques (SNV) et des variants structurels, analyser l'expression génique, analyser les petits ARN, et plus encore (tableau 2).

Les données de séquençage peuvent aussi être instantanément transférées, analysées et entreposées dans BaseSpace^{MC} Sequence Hub, l'environnement infonuagique génomique d'Illumina. Grâce aux formats de données d'application sectorielle, des développeurs tiers ont créé un environnement varié d'applications payantes et gratuites dans BaseSpace Sequence Hub pour une analyse des données en aval. Ces applications comportent des algorithmes automatisés pour l'analyse du génome entier, des exomes et des transcriptomes, ainsi que des données sur le reséquençage ciblé pour l'alignement, la détection des variants, l'annotation, la visualisation, etc.

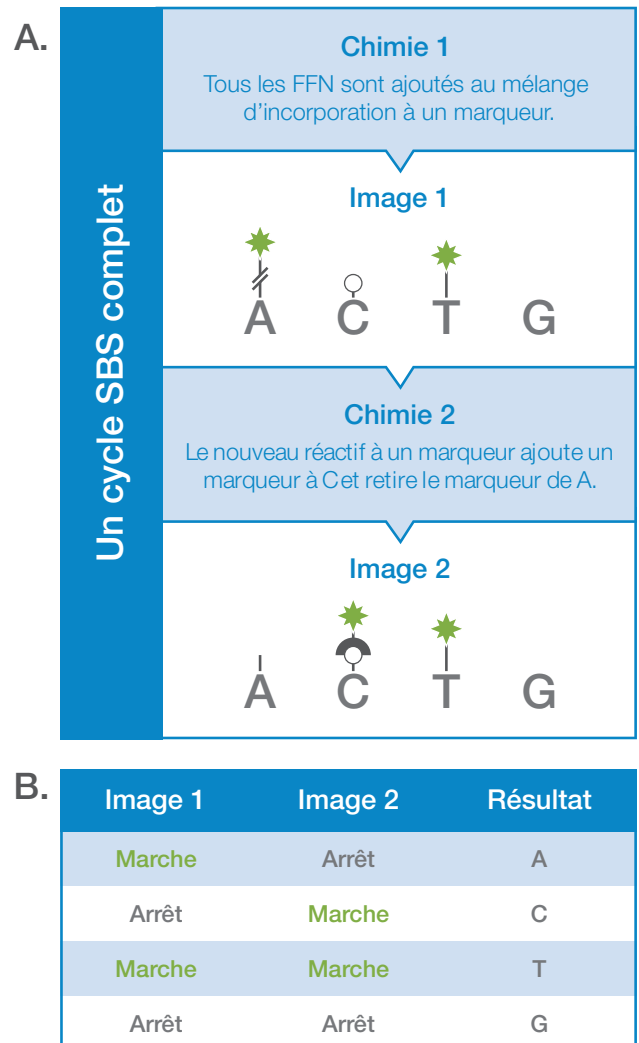


Figure 4 : La chimie SBS à un canal – (A) La chimie SBS à un canal comprend deux étapes de chimie et deux étapes d'imagerie par cycle de séquençage et a recours à des nucléotides pouvant être marqués ou non selon l'étape de la chimie. (B) La définition des bases est déterminée par le motif du signal dans les deux images.

Large gamme d'applications

Offrant un débit minimal de 1,2 Go pour les plus longues longueurs de lecture, le système iSeq 100 permet de réaliser rapidement un séquençage multiplexé, pour diverses applications :

- Séquençage d'un petit génome entier
- Reséquençage ciblé
 - Reséquençage ciblé avec AmpliSeq for Illumina
 - PCR longs fragments
- Séquençage *de novo*
- Validation de l'édition génique
- Métagénomique (séquençage 16S ARNr)
- Séquençage d'ARNm ciblé
- Séquençage de petits ARN
- Évaluation de multiples génomes
- Typage des antigènes leucocytaires humains (HLA) basé sur les séquences

Tableau 2 : Exemples d'applications et de configurations d'analyse

Application	Échantillons/analyse	Durée de l'analyse
Séquençage de petits génomes Génomes de 5 à 10 Mb, couverture de 30x, 2 x 150 pb	1 à 8	Env. 19 h
Profilage ciblé de l'expression génique Jusqu'à 500 cibles 1 x 50 pb	1 à 48	Env. 9,5 h
Séquençage d'amplicons ciblés Jusqu'à 3 000 amplicons 2 x 150 pb	1 à 48	Env. 19 h

Résumé

Le système iSeq 100 est le plus petit instrument de la gamme Illumina, mais il comporte de grands avantages. Comparativement aux systèmes de séquençage de plus grande envergure ou à l'utilisation des services de sous-traitants, le système iSeq 100 permet de réaliser de petites analyses plus rapidement et de façon plus abordable, procure de l'autonomie et permet de contrôler le processus de séquençage du début à la fin. De plus, comme il fait partie d'une solution complète englobant toute la gamme de trousse de préparation de bibliothèques, le séquençage et l'analyse conviviale des données, le système iSeq 100 offre un flux de travail entièrement pris en charge et intégré. Compact et peu coûteux, le système iSeq 100 permet à pratiquement tous les laboratoires de mettre à profit la puissance du séquençage de nouvelle génération (SNG), quel que soit leur budget.

En savoir plus

iSeq 100 Sequencing System, illumina.com/iseq

Applications pour le système iSeq, illumina.com/systems/sequencing-platforms/iseq/applications.html

Foire aux questions, [page de la foire aux questions sur le système iSeq 100](#)

Références

1. Precone V, Monaco VD, Esposito MV, et al. [Cracking the Code of Human Diseases Using Next-Generation Sequencing: Applications, Challenges, and Perspectives](#). *Biomed Res Int*. 2015;161648. doi:10.1155/2015/161648
2. Shokralla S, Porter TM, Gibson JF, et al. [Massively parallel multiplex DNA sequencing for specimen identification using an Illumina MiSeq platform](#). *Sci Rep*. 2015;5:9687. doi:10.1038/srep09687
3. Illumina. Quality Scores for Next-Generation Sequencing. illumina.com/documents/products/technotes/technote_Q-Scores.pdf. Publié en 2011. Consulté le 2 février 2023.
4. 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

Spécifications du système iSeq 100

Paramètre	Caractéristiques techniques
Configuration de l'instrument	Suivi par RFID pour les consommables
Ordinateur de commande de l'instrument (interne)	Unité de base : processeur Celeron J1900, 2 GHz, quatre cœurs Mémoire : 8 Go de RAM Disque dur : 240 Go, SSD Système d'exploitation : Windows 10 IoT Enterprise
Environnement de fonctionnement	Température : de 15 °C à 30 °C (22,5 °C ± 7,5 °C) Humidité : humidité relative de 20 à 80 % sans condensation Altitude : moins de 2 000 m (6 500 pi) Qualité de l'air : classement pollution de niveau II Aération : maximum de 2 048 BTU/h à 600 W Réservé à un usage à l'intérieur
Diode électroluminescente (DEL)	520 nm, 1,5 W/cm ² au plan image
Dimensions	L × P × H (écran levé) : 30,5 cm × 33 cm × 42,5 cm (12,0 po × 13,0 po × 16,7 po) Poids : 16 kg (35 lb) Poids emballé : 21 kg (47 lb)
Exigences d'alimentation	De 100 à 240 VCA à 50/60 Hz 80 W
Identification par radiofréquence (RFID)	Fréquence : 13,56 MHz Alimentation : courant d'alimentation de 120 mA, puissance de sortie RF de 200 mW
Spécifications WLAN	Fréquence : 2,4 GHz et 4 GHz standard IEEE 802.11a IEEE 802.11b IEEE 802.11g IEEE 802.11n IEEE 802.11aC Alimentation : 3,3 VCC, courant d'alimentation 780 mA
Sécurité et conformité du produit	Certifié NRTL CEI Certifié CE 61010-1 Conforme FCC/IC

a. Les spécifications informatiques sont susceptibles de changer.

Renseignements relatifs à la commande

Système	N° de référence
iSeq 100 Sequencing System	20021535
Trousses de réactifs de séquençage	N° de référence
iSeq 100 i1 Reagent v2 (300 cycles)	20031371
iSeq 100 i1 Reagent v2 (300 cycles), paquet de 4	20031374
iSeq 100 i1 Reagent v2 (300 cycles), paquet de 8	20040760



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 |

Téléphone : + (1) 858 202-4566

techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 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.

M-GL-00456 FRA v1.0