

# Sistema MiSeq®

Alimentación limitada. Velocidad y simplicidad para resecuenciación selectiva y de genomas pequeños.

## Características destacadas del sistema MiSeq

- Calidad de datos excepcional**  
 Datos de la calidad más alta, demostrada mediante comparación científica revisada por expertos.
- Flujo de trabajo de los instrumentos sencillo e intuitivo**  
 Sistema altamente automatizado con una interfaz de instrumento sencilla y fácil de usar.
- El tiempo de procesamiento más rápido**  
 Secuenciación y detección de variantes más rápidas para estudios con prioridad temporal.
- Amplio catálogo de aplicaciones**  
 Longitud de lectura y opciones de celda de flujo ajustables que proporcionan máxima flexibilidad en una amplia variedad de aplicaciones.

## Introducción

El sistema MiSeq ofrece la primera solución de secuenciación integral, que combina la generación de grupos, la amplificación, la secuenciación y el análisis de datos en un único instrumento. Su tamaño reducido, de aproximadamente dos pies cuadrados, se ajusta con facilidad a prácticamente cualquier entorno de laboratorio (figura 1). El sistema MiSeq aprovecha la tecnología de secuenciación por síntesis (SBS) de Illumina, la química de secuenciación de próxima generación de uso más generalizado. Con más de 750 publicaciones hasta la fecha, el sistema MiSeq es la plataforma ideal para realizar análisis genéticos de forma rápida y rentable.

## Calidad de datos excepcional

La química SBS de Illumina es la tecnología de secuenciación de próxima generación de uso más generalizado. Gracias a la química SBS, se obtienen datos de calidad excepcional: Un método exclusivo basado en terminadores reversibles que detecta bases únicas a medida que se incorporan a cadenas de ADN masivamente paralelas. 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. Como los cuatro dNTP unidos a terminadores reversibles están presentes durante cada ciclo, la competencia natural minimiza la tendencia a la incorporación. Las llamadas de bases se realizan directamente a partir de mediciones de intensidad de señal durante cada ciclo, lo que reduce enormemente las tasas de errores sin procesar en comparación con otras tecnologías<sup>1-5</sup>. El resultado es una secuenciación base por base muy precisa que prácticamente elimina los errores específicos del contexto de la secuencia, incluso en homopolímeros o regiones de secuencias repetitivas. La secuenciación de Illumina proporciona el mayor rendimiento de datos sin errores para las muestras de secuenciación más sensibles o complejas (figura 3).

## Flujo de trabajo de los instrumentos sencillo e intuitivo

El sistema MiSeq ofrece un software de control del instrumento sencillo y fácil de seguir. Realice operaciones sencillas del instrumento con una interfaz de pantalla táctil intuitiva, utilice cartuchos de reactivos listos para usar con seguimiento RFID, consulte los tutoriales en vídeo en pantalla y disfrute de instrucciones paso a paso a lo largo de todo el flujo de trabajo de secuenciación.

Todos los sistemas MiSeq incluyen análisis de datos integrado y el acceso a BaseSpace®, la plataforma de análisis genómico de Illumina. BaseSpace proporciona carga de datos en tiempo real, herramientas sencillas de análisis de datos, supervisión de análisis basada en Internet y una solución de almacenamiento segura y ampliable. Un conjunto de herramientas de análisis de datos, así como una lista creciente de aplicaciones de BaseSpace de terceros, permite que los investigadores realicen sus propios estudios de la aplicación de técnicas informáticas y estadísticas. BaseSpace también permite compartir datos de forma fácil y rápida con compañeros o clientes. Para obtener más información, visite [www.illumina.com/basespace](http://www.illumina.com/basespace).

## Tiempo de procesamiento rápido

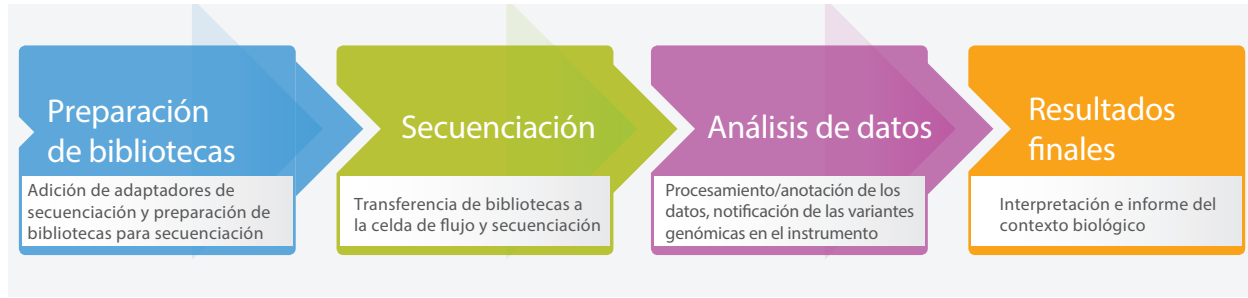
Para obtener resultados en cuestión de horas y no de días, combinar una preparación de bibliotecas rápida con el sistema MiSeq ofrece sencillez y tiempos de procesamiento acelerados (figura 2). Prepare su biblioteca de secuenciación en solo 90 minutos con los reactivos de preparación de bibliotecas Nextera® y, luego, continúe con la amplificación clónica, la secuenciación y la llamada de bases clasificada por puntuación de calidad automatizadas en tan solo cuatro horas en el sistema MiSeq. La alineación de secuencias se puede efectuar directamente sobre el ordenador del instrumento, con el software MiSeq Reporter o a través de la plataforma BaseSpace, en un plazo de tres horas.

Figura 1: Sistema MiSeq



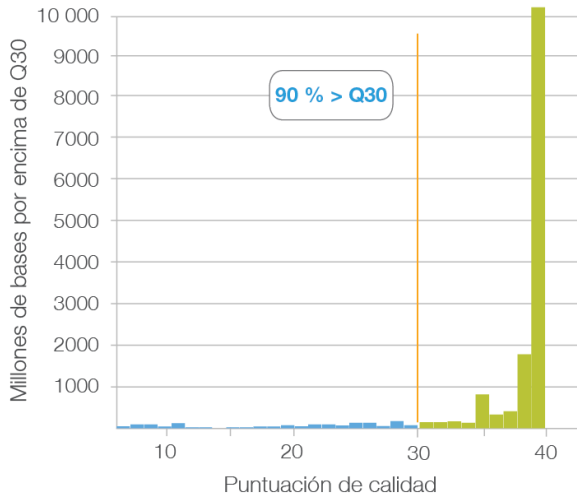
El sistema MiSeq compacto es ideal para una secuenciación de próxima generación rápida y rentable.

Figura 2: Flujo de trabajo de MiSeq



El revolucionario flujo de trabajo del sistema MiSeq posibilita un tiempo de procesamiento rápido para la nueva generación de sistemas de secuenciación de escritorio. Las muestras se prepararon con el kit de preparación de bibliotecas Nextera XT. El tiempo de secuenciación de cuatro horas incluye la generación de grupos, la secuenciación y la llamada de bases clasificada por puntuación de calidad con lectura de superficie doble para un experimento de pares de bases con 1 × 36 en un sistema MiSeq con el software MiSeq Control Software (MCS) v2.4.

Figura 3: Distribución de la puntuación de calidad de MiSeq



Puntuaciones de calidad de una biblioteca de control PhiX, con un experimento de pares de bases de 2 × 300 ejecutado en un sistema MiSeq con MiSeq Control Software v2.4. Este ejemplo muestra un 90 % de bases secuenciadas por encima del nivel Q30.

### Amplio catálogo de aplicaciones

Explore una gama de aplicaciones de secuenciación en continuo crecimiento. Con un tiempo de procesamiento más rápido y unos flujos de trabajo simplificados, el sistema MiSeq ofrece una alternativa rentable a la electroforesis capilar (EC) para aplicaciones como la resecuenciación selectiva, la comprobación de clones y la secuenciación de amplicones. También están disponibles flujos de trabajo de análisis optimizados para experimentos pequeños de secuenciación genómica, metagenómica 16S, secuenciación de ARN, secuenciación de HLA, análisis forense, análisis genético preimplantacional (AGP) y diagnóstico genético preimplantacional (DGP), así como aplicaciones de alto nivel de multiplexado, como TruSeq® Custom Amplicon y TruSeq Custom Enrichment. Las longitudes de lectura y opciones de celda de flujo ajustables, así como diversas lecturas "paired-end" o únicas, permiten una flexibilidad sin precedentes para un rendimiento de datos que satisfaga una amplia gama de necesidades con respecto a los experimentos.

Para uso exclusivo en investigación. Prohibido su uso en procedimientos de diagnóstico.

### Especificaciones del sistema MiSeq

#### Configuración del instrumento

Seguimiento de RFID para consumibles  
Software de control MiSeq  
Software MiSeq Reporter

#### Ordenador de control del instrumento (interno)\*

Unidad base: Intel Core i7-2710QE 2.10 GHz CPU  
Memoria: 16 GB de RAM  
Unidad de disco duro: 750 GB  
Sistema operativo: Windows 7 Embedded Standard

\*Las especificaciones del ordenador están sujetadas a cambio.

#### Entorno operativo

Temperatura: 22 °C ± 3 °C  
Humedad: Sin condensación 20 %-80 %  
Altitud: Menos de 2.000 m (6.500 pies)  
Calidad del aire: Grado de contaminación de clase II  
Ventilación: Máximo 1.364 BTU/h  
Para uso exclusivo en interiores

#### Diodo luminiscente (LED)

530 nm, 660 nm

#### Dimensiones

Ancho × Fondo × Alto: 68,6 cm × 56,5 cm × 52,3 cm  
(27,0 pulg. × 22,2 pulg. × 20,6 pulg.)  
Peso: 57,2 kg (126 libras)  
Peso de embalaje: 93,6 kg (206 libras)

#### Requisitos de alimentación

100-240 V CA a 50/60 Hz, 10 A, 400 W

#### Identificador de radiofrecuencia (RFID)

Frecuencia: 13,56 MHz  
Alimentación: 100 mW

#### Seguridad y cumplimiento del producto

NRTL con certificación IEC 61010-1  
Marca CE  
Aprobado por FCC/IC

### Parámetros de funcionamiento del sistema MiSeq

#### MiSeq Reagent Kit v2

Longitud de lectura	Tiempo total*	Rendimiento
1 x 36 bp	~4 horas	540-610 Mb
2 x 25 bp	~5,5 horas	750-850 Mb
2 x 150 bp	~24 horas	4,5-5,1 Gb
2 x 250 bp	~39 horas	7,5-8,5 Gb

#### Lecturas que superan el filtro†

Lecturas únicas	12-15 M
Lecturas "paired-end"	24-30 M

#### Puntuaciones de calidad\*\*

- >90 % de bases por encima de Q30 con 1 x 36 bp
- >90 % de bases por encima de Q30 con 2 x 25 bp
- >80 % de bases por encima de Q30 con 2 x 150 bp
- >75 % de bases por encima de Q30 con 2 x 250 bp

#### Kit de reactivos de MiSeq v3

Longitud de lectura	Tiempo total*	Rendimiento
2 x 75 bp	Aprox. 21 horas	3,3-3,8 Gb
2 x 300 bp	Aprox. 56 horas	13,2-15 Gb

#### Lecturas que superan el filtro†

Lecturas únicas	22-25 M
Lecturas "paired-end"	44-50 M

#### Puntuaciones de calidad\*\*

- >85 % de bases por encima de Q30 con 2 x 75 bp
- >70 % de bases por encima de Q30 con 2 x 300 bp

\* Los tiempos totales incluyen la generación de grupos, la secuenciación y la llamada de bases en un sistema MiSeq habilitado con lectura de superficie doble.

† Especificaciones de instalación basadas en la biblioteca de control PhiX de Illumina a densidades de grupo compatibles entre grupos que superan el filtro de 865-965 k/mm<sup>2</sup> para la química v2 y de grupos que superan el filtro de 1.200-1.400 k/mm<sup>2</sup> para la química v3. Los parámetros de rendimiento reales pueden variar en función del tipo de muestra, la calidad de la muestra y los grupos que superan el filtro.

\*\* El porcentaje de bases >Q30 se promedia en todo el experimento.

bp = pares de bases, Mb = megabases, Gb = gigabases, M = millones

### Datos del pedido

Nombre del instrumento	N.º catálogo
Sistema MiSeq	SY-410-1003

### Información adicional

Si desea conocer mejor la próxima revolución en los sistemas de secuenciación de escritorio, visite: [www.illumina.com/miseq](http://www.illumina.com/miseq)

### Referencias

- Junemann S, Sedlazeck FJ, Prior K, Albersmeier A, John U, Kalinowski J, et al. Updating benchtop sequencing performance comparison. *Nat Biotechnol.* 2013;31:294-296.
- Ross MG, Russ C, Costello M, Hollinger A, Lennon NJ, Hegarty R, et al. Characterizing and measuring bias in sequence data. *Gen Biol.* 2013;14:R51.
- Loman NJ, Misra RV, Dallman TJ, Constantinidou C, Gharbia SE, Wain J, et al. Performance comparison of benchtop high-throughput sequencing platforms. *Nat Biotechnol.* 2012;30:434-439.
- Quail MA, Smith M, Coupland P, Otto TD, Harris SR, Connor TR, et al. A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers. *BMC Genomics.* 2012;13:341.
- Liu L, Li Y, Li S, Hu N, He Y, Pong R, et al. Comparison of Next-Generation sequencing systems. *J Biomed Biotechnol.* 2012;2012:251364.

### Potencie al máximo rendimiento y productividad con los servicios, formación y asesoría de Illumina

Tanto si necesita asistencia inmediata durante el funcionamiento de un instrumento o requiere consultas en profundidad relacionadas con flujos de trabajo sofisticados, Illumina puede ayudar. Los equipos de servicio técnico y asistencia de Illumina ofrecen un completo catálogo de soluciones ágiles y personalizadas, desde cursos de formación inicial hasta asistencia para instrumentos, pasando por servicios de consultoría NGS permanente. Nuestra oferta de servicios de asistencia incluye:

#### Servicios de cuidado de los productos

- Planes de servicios para instrumentos por niveles + servicios adicionales
- Servicios de cumplimiento para instrumentos
- Servicios para instrumentos bajo demanda

#### Formación en Illumina University

- Formación dirigida por instructores in situ, en la instalación que usted elija
- Formación dirigida por instructores en un Centro de formación de Illumina
- Cursos en línea y seminarios web

#### Consultoría Illumina

- Servicios de prueba de concepto para pruebas de preparación de instrumentos y bibliotecas
- Servicios de consejería para asistencia al diseño y optimización de productos

Si desea conocer mejor la oferta de servicios de asistencia de Illumina, visite: [www.illumina.com/services/instrument-services-training.html](http://www.illumina.com/services/instrument-services-training.html)

ILLUMINA • 1.800.809.4566 (llamada gratuita, EE. UU.) • Telf.: +1.858.202.4566 • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

Para uso exclusivo en investigación. Prohibido su uso en procedimientos de diagnóstico.

© 2015 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Illumina, BaseSpace, MiSeq, Nextera, TruSeq y el color naranja calabaza son marcas comerciales o marcas comerciales registradas de Illumina, Inc. o sus afiliados en EE. UU. u otros países. Pub. n.º 770-2011-001-ESP actualizada por última vez el 17 de mayo de 2016



AATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAAC  
AACGTACCGTAACGAACGTATCATTAAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAAC  
ACGAAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCT  
GTAACATTAAAGAGCTACCGTGCAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGA  
AATGATAACAGTAACAGACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAAC  
TTACTTGATCCACTGATTCAACGTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAGCAACG  
TATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGAAAAGAATGATAAC