

Système MiSeq®

Puissance concentrée. Vitesse et simplicité pour le reséquençage ciblé et le séquençage de petits génomes.

Les points forts du système MiSeq

- Qualité de données exceptionnelle**
 Qualité de données la plus élevée démontrée par comparaison scientifique évaluée par les pairs
- Flux de travail de l'instrument simple et intuitif**
 Système hautement automatisé, pourvu d'une interface instrument simple et facile à utiliser
- Temps de traitement accéléré**
 Séquençage et détection des variants les plus rapides, pour des études limitées dans le temps
- Suite complète d'applications**
 Longueurs de séquences et options Flow Cell réglables, qui procurent une flexibilité parfaite pour un large éventail d'applications

Introduction

Le système MiSeq est la première solution de séquençage de bout en bout qui permet de réaliser dans un seul instrument la génération d'amplifiats, le séquençage, l'amplification et l'analyse des données. Son faible encombrement, environ 0,2 m² (2 pi²), s'intègre facilement à pratiquement tous les environnements de laboratoire (figure 1). Le système MiSeq tire parti de la technologie de séquençage par synthèse (SBS) d'Illumina, la chimie de séquençage nouvelle génération la plus largement utilisée. Avec plus de 750 publications à ce jour, le système MiSeq constitue la plateforme idéale pour réaliser des analyses génétiques rapides et économiques.

Qualité de données exceptionnelle

La chimie SBS d'Illumina est issue de la technologie de séquençage nouvelle génération la plus généralement adoptée. Elle permet d'obtenir une qualité de données exceptionnelle, grâce une méthode exclusive fondée sur des terminateurs réversibles-, qui détecte chacune des bases à mesure qu'elles sont incorporées à des brins d'ADN massivement parallèles. 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 réduit au minimum le biais lié à l'incorporation. Les appels de bases sont réalisés directement à partir des mesures d'intensité du signal durant chaque cycle, ce qui réduit sensiblement les taux bruts d'erreurs par rapport à d'autres technologies¹⁻⁵. Le résultat final est un séquençage base par base d'une extrême précision, qui élimine la quasi-totalité des erreurs de séquence imputables au contexte, même dans des régions de séquences répétitives ou d'homopolymères. Le séquençage Illumina procure un rendement inégalé en matière de données exemptes d'erreurs, avec les échantillons de séquençage les plus complexes ou sensibles (figure 3).

Flux de travail de l'instrument simple et intuitif

Le système MiSeq est doté d'un logiciel de commande de l'instrument explicite, facile à suivre. Exécutez des tâches simples avec l'instrument grâce à l'interface intuitive sur écran tactile, utilisez les cartouches de réactifs prêtes à l'emploi avec suivi RFID, visionnez des tutoriels vidéo à l'écran et profitez de guides détaillés pendant chaque flux de travail de séquençage.

Tous les systèmes MiSeq offrent l'analyse embarquée des données ainsi qu'un accès à BaseSpace®, la plateforme d'analyse génomique d'Illumina. BaseSpace permet de téléverser des données en temps réel et propose des outils simples d'analyses de données, un suivi d'analyses sur Internet et une solution de stockage extensible. Grâce à un éventail d'outils d'analyses de données et d'une liste de plus en plus abondante d'applications tierces de BaseSpace donnent aux chercheurs les moyens d'adapter l'informatique à leurs besoins. BaseSpace permet également des échanges rapides et faciles de données avec des collègues ou des clients. Pour obtenir plus de renseignements, visitez www.illumina.com/basespace.

Temps de traitement court

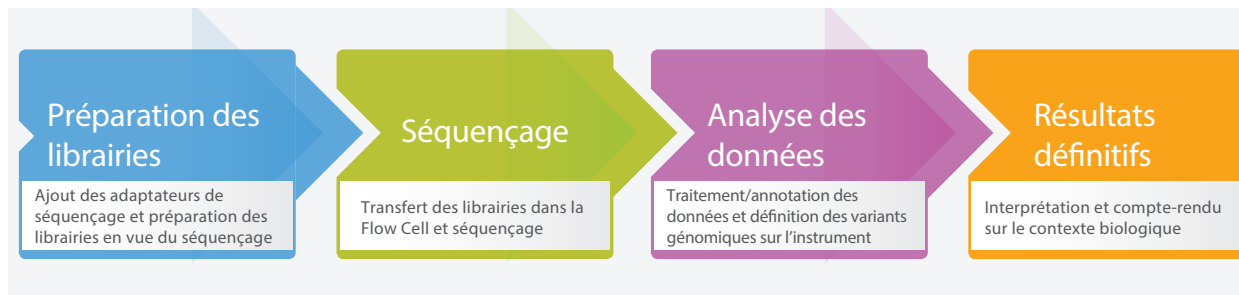
L'association d'un processus rapide de préparation des bibliothèques et du système MiSeq permet d'obtenir des résultats en quelques heures plutôt qu'en quelques jours, pour un temps de traitement court dénué d'éléments superflus (figure 2). Préparez votre bibliothèque de séquençage en 90 minutes à peine avec des réactifs de préparation de bibliothèques Nextera®, puis passez à l'amplification clonale automatique, au séquençage et aux appels de base dont la qualité est notée, le tout en seulement 4 heures sur l'instrument MiSeq. L'alignement des séquences s'effectue directement sur l'ordinateur de l'instrument embarqué à l'aide du logiciel MiSeq Reporter ou bien sur la plateforme BaseSpace dans les trois heures.

Figure 1 : Système MiSeq



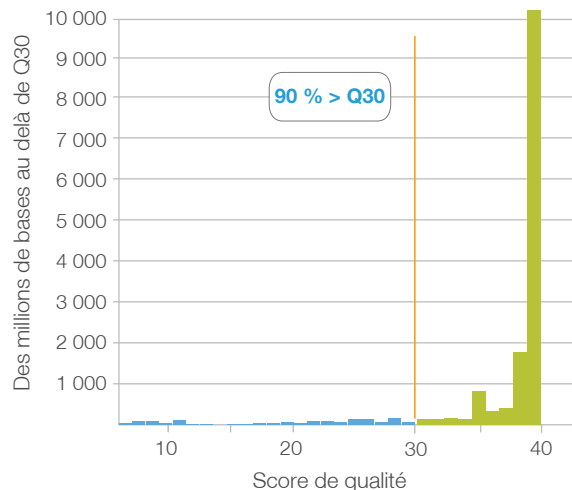
Le système compact MiSeq est idéal pour un séquençage nouvelle génération rapide et économique.

Figure 2 : Flux de travail MiSeq



Le flux de travail révolutionnaire du système MiSeq permet un temps de traitement rapide pour le séquençage nouvelle génération sur système de bureau. Les échantillons ont été préparés avec la trousse de préparation de librairie Nextera XT. Une séquence de 4 heures comprend la génération d'amplifiats, le séquençage et des appels de base dont la qualité est notée, avec balayage à double surface, pour l'analyse à 1 x 36 paires de bases sur un système MiSeq avec MiSeq Control Software version 2.4.

Figure 3 : Distribution des scores de qualité MiSeq



Scores de qualité de l'analyse d'une librairie de contrôle PhiX à 2 x 300 paires de bases sur un système MiSeq avec MiSeq Control Software version 2.4. Dans cet exemple, 90 % des bases sont séquençées au-delà de Q30.

Suite complète d'applications

Explorez la gamme toujours plus vaste d'applications de séquençage. Grâce à son temps de traitement accéléré et à ses flux de travail simplifiés, le système MiSeq se veut une solution de rechange économique à l'électrophorèse capillaire (CE) pour des applications comme le reséquençage ciblé, la vérification de clones ou le séquençage d'amplicons. Il existe également des flux de travaux d'analyse optimisés conçus pour le séquençage des petits génomes, le séquençage métagénomique 16S, le séquençage de l'ARN, le séquençage de l'antigène HLA, les analyses médico-légales, le dépistage génétique préimplantatoire et le diagnostic génétique préimplantatoire, ainsi que pour les applications nécessitant un fort multiplexage, comme TruSeq® Custom Amplicon et TruSeq Custom Enrichment. Les longueurs de lecture réglables, les options Flow Cell et le choix entre lectures uniques ou appariées constituent une source de flexibilité sans précédent grâce à laquelle la sortie de données s'adapte à un large éventail de besoins expérimentaux.

Spécifications du système MiSeq

Configuration de l'instrument

Suivi RFID pour consommables
Logiciel de commande MiSeq
Logiciel MiSeq Reporter

Ordinateur de contrôle de l'instrument (interne)*

Unité de base : Processeur Intel Core i7-2710QE 2,10 GHz
Mémoire : 16 Go de mémoire vive
Disque dur : 750 Go
Système d'exploitation : Windows 7 Embedded Standard
*Les spécifications de l'ordinateur sont susceptibles de changer.

Environnement de fonctionnement

Température : 22 °C ± 3 °C
Humidité : de 20 % à 80 %, sans condensation
Altitude : inférieure à 2 000 m (6 500 pi)
Qualité de l'air : Classement pollution II
Ventilation : maximum de 1 364 BTU/h
Réservé à un usage en intérieur

Diode électroluminescente (DEL)

530 nm, 660 nm

Dimensions

L x P x H : 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 livres)
Poids avec emballage : 93,6 kg (206 livres)

Exigences d'alimentation

de 100 à 240 V CA à 50/60 Hz, 10 A, 400 W

Radio Frequency Identifier (RFID)

Fréquence : 13,56 MHz
Alimentation : 100 mW

Sécurité et conformité du produit

Certifié NRTL CEI 61010-1
Certifié CE
Conforme FCC/IC

Paramètres de performance du système MiSeq

Trousse de réactifs MiSeq V2

Longueur de lecture	Durée totale*	Rendement
1 × 36 bp	env. 4 heures	540 à 610 Mb
2 × 25 bp	~5,5 heures	750 à 850 Mb
2 × 150 bp	~24 heures	4,5 à 5,1 Gb
2 × 250 bp	~39 heures	7,5 à 8,5 Gb

Lectures passant le filtre†

Lectures uniques	12 à 15 M
Lectures appariées	24 à 30 M

Notation de la qualité††

- >90 % des bases au delà de Q30 à 1 × 36 bp
- >90 % des bases au delà de Q30 à 2 × 25 bp
- >80 % des bases au delà de Q30 à 2 × 150 bp
- >75 % des bases au-delà de Q30 à 2 × 250 bp

Trousse de réactifs MiSeq v3

Longueur de lecture	Durée totale*	Rendement
2 × 75 bp	~21 heures	de 3,3 à 3,8 Gb
2 × 300 bp	~56 heures	de 13,2 à 15 Gb

Lectures passant le filtre†

Lectures uniques	22 à 25 M
Lectures appariées	44 à 50 M

Notation de la qualité††

- >85 % des bases au-delà de Q30 à 2 × 75 bp
- >70 % des bases au-delà de Q30 à 2 × 300 bp

* La durée totale comprend la génération d'amplifiats, le séquençage et les appels de bases sur un système MiSeq activé avec balayage à double surface.

† Mettez en place des spécifications basées sur la librairie de contrôle PhiX d'Illumina à des densités d'amplifiats prises en charge (entre 865 et 965 k/mm² d'amplifiats passant par le filtre pour la chimie v2, et entre 1 200 et 1 400 k/mm² d'amplifiats passant par le filtre pour la chimie v3). Les paramètres de performances réels pourraient varier, selon le type et la qualité de l'échantillon et les amplifiats passant par le filtre.

†† Le pourcentage de bases > Q30 est une moyenne calculée sur l'intégralité de l'analyse.

bp = paires de bases, Mb = mégabases, Gb = gigabases, M = millions

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 l'avenir révolutionnaire du séquençage de bureau, consultez : www.illumina.com/miseq

Références

- 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.

Maximisez les performances et la productivité avec les services d'assistance, de formation et de conseil d'Illumina.

Que vous ayez besoin immédiatement d'un conseil lors d'une analyse sur instrument ou que vous sollicitiez un entretien approfondi au sujet d'un flux de travail sophistiqué, Illumina est à votre écoute. Ses équipes d'assistance vous proposeront une gamme complète de solutions ingénieuses et personnalisées couvrant la formation initiale, l'assistance technique aux instruments ou encore l'expertise NGS. Parmi nos offres, vous trouverez :

Des services d'entretien des produits

- Contrats d'entretien des instruments à plusieurs niveaux et services optionnels
- Services relatifs à la conformité des instruments
- Interventions à la demande sur vos instruments

Des formations Illumina University

- Formation avec instructeur dans l'établissement de votre choix
- Formation avec instructeur dans un centre de formation Illumina
- Formations en ligne et webinaires

Des services de conseil par Illumina

- Essais de validation des instruments et de la préparation des librairies
- Services spécialisés d'assistance à la conception et d'optimisation des produits

Pour en savoir plus sur les offres d'assistance proposées par Illumina, consultez : <http://www.illumina.com/services/instrument-services-training.html>

Illumina • Numéro gratuit aux États-Unis +(1) 800 809 4566 • Tél. +(1) 858 202 4566 • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

Destiné à la recherche uniquement. Ne pas utiliser dans le cadre d'examens diagnostiques.

© 2015 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Illumina, BaseSpace, MiSeq, Nextera, TruSeq et la couleur orange citrouille sont des marques de commerce ou des marques déposées d'Illumina, Inc. aux États-Unis ou dans d'autres pays.
Pub. n° 770-2011-001-FRA. À jour au 17 mai 2016



AATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAAC
AACGTACCGTAACGAACGTATCATTAAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAAC
ACGAAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCT
CGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGA
AATGATAACAGTAACAGACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGA
TTACTTGATCCACTGATTCAACGTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAGCAACG
TATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAAC