

Sistema MiSeq®

Energia concentrada. Velocidade e simplicidade para ressequenciamento direcionado e sequenciamento de genoma pequeno.

Destaques do sistema MiSeq

- Qualidade de dados excepcional**
 Dados da mais alta qualidade demonstrados através de comparação científica e revisão realizada por especialistas
- Fluxo de trabalho de instrumentos simples e intuitivo**
 Recursos de sistema altamente automatizados apresentam uma interface de instrumento simples e fácil de usar
- O mais rápido tempo de resposta**
 Detecção de variantes e sequenciamento mais rápidos para estudos urgentes
- Pacote completo de aplicativos**
 A duração de leitura ajustável e as opções de lâminas de fluxo oferecem a flexibilidade ideal em toda a ampla gama de aplicações

Introdução

O sistema MiSeq oferece a primeira solução de sequenciamento completa, integrando clusterização, amplificação, sequenciamento e análise de dados em um único instrumento. O pequeno espaço ocupado — aproximadamente dois pés quadrados (0,185 m²) — se encaixa facilmente em praticamente qualquer ambiente de laboratório (Figura 1). O sistema MiSeq aproveita a tecnologia de sequenciamento por síntese (SBS) Illumina, a química de sequenciamento de nova geração mais usada. Com mais de 750 publicações até agora, o sistema MiSeq é a plataforma ideal para análise genética rápida e de baixo custo.

Qualidade de dados excepcional

A química de SBS Illumina é a tecnologia de sequenciamento de nova geração mais adotada. A qualidade excepcional dos dados é obtida pela química de SBS: um método próprio baseado em terminador- reversível que detecta bases únicas conforme elas são incorporadas a fitas de DNA paralelo em massa. São geradas imagens dos corantes do terminador fluorescente à medida que cada dNTP é adicionado; depois, os corantes são clivados para permitir a incorporação da próxima base. Com todos os quatro dNTPs reversíveis ligados ao terminador presentes durante cada ciclo, a competição natural minimiza a propensão à incorporação. As identificações de bases são feitas diretamente a partir das medições da intensidade do sinal durante cada ciclo, reduzindo consideravelmente as taxas de erro bruto em comparação a outras tecnologias.¹⁻⁵ O resultado é um sequenciamento base por base altamente preciso que praticamente elimina erros de contexto específico da sequência, mesmo em regiões ou homopolímeros de sequência repetitiva. O sequenciamento da Illumina oferece o mais alto rendimento de dados sem erros às amostras de sequenciamento mais sensíveis ou complexas (Figura 3).

Fluxo de trabalho de instrumentos simples e intuitivo

O sistema MiSeq oferece um software de controle de instrumentos simples e de fácil execução. Execute operações de instrumentos simples com uma interface intuitiva e sensível ao toque, use cartuchos de reagentes plug-and-play com rastreamento RFID, consulte tutoriais em vídeo na tela e aproveite os guias passo a passo durante todo o fluxo de trabalho de sequenciamento.

Todos os sistemas MiSeq incluem análise de dados integrada e acesso ao BaseSpace® — a plataforma de análise genômica da Illumina. O BaseSpace oferece upload de dados em tempo real, ferramentas simples de análise de dados, monitoramento de execução baseado em Internet e uma solução de armazenamento segura e escalável. O pacote de ferramentas de análise de dados e a crescente lista de aplicativos de terceiros para o BaseSpace capacita os pesquisadores para que façam suas próprias verificações informatizadas. O BaseSpace também permite o compartilhamento de dados rápido e fácil com os colegas e clientes. Para saber mais, acesse www.illumina.com/basespace.

Tempo de resposta rápido

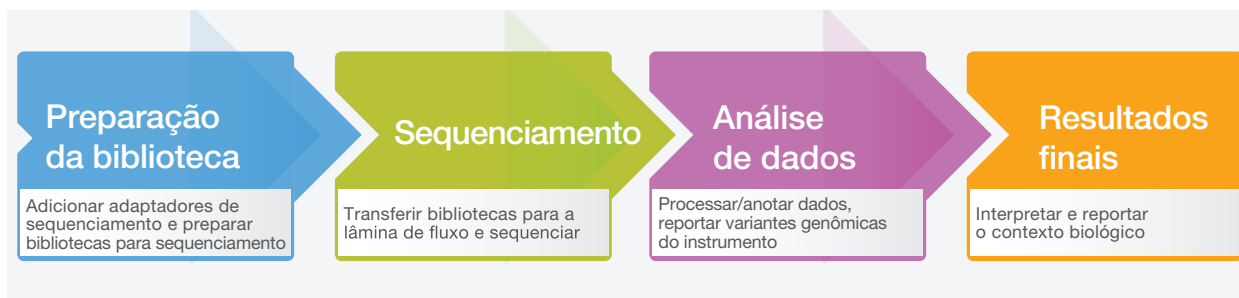
Para obter resultados em horas e não em dias, a combinação da rápida preparação da biblioteca com o sistema MiSeq oferece um tempo de resposta simples e acelerado (Figura 2). Prepare sua biblioteca de sequenciamento em apenas 90 minutos com os reagentes de preparação de biblioteca Nextera®; depois, prossiga com a amplificação clonal automatizada, o sequenciamento e a identificação de bases avaliada por qualidade em apenas quatro horas no instrumento MiSeq. O alinhamento de sequência pode ser concluído diretamente no computador do instrumento integrado com o MiSeq Reporter Software ou por meio da plataforma BaseSpace em três horas.

Figura 1: Sistema MiSeq



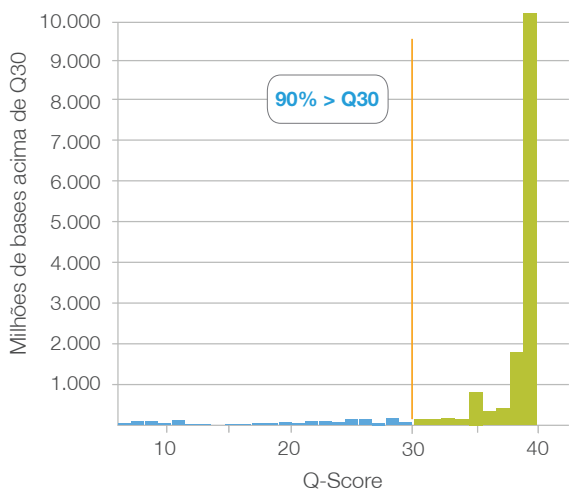
O sistema MiSeq compacto é adequado para um sequenciamento de nova geração rápido e de baixo custo.

Figura 2: Fluxo de trabalho do MiSeq



O fluxo de trabalho revolucionário do sistema MiSeq permite tempo de resposta rápido para o sequenciamento para desktop de nova geração. As amostras foram preparadas com o kit de preparação de biblioteca Nextera XT. O tempo de seqüência de quatro horas inclui clusterização, sequenciamento e chamada de base avaliada por qualidade com leitura de superfície dupla para um par de bases 1 x 36 executado em um sistema MiSeq com o MiSeq Control Software v2.4.

Figura 3: Distribuição de pontuação por qualidade MiSeq



Pontuações por qualidade para uma biblioteca de controle de PhiX, par de bases 2 x 300 executado em um sistema MiSeq com o MiSeq Control Software v2.4. Este exemplo mostra 90% das bases sequenciadas acima de Q30.

Pacote completo de aplicativos

Explore a gama cada vez maior de aplicativos de sequenciamento. Com tempo de resposta mais rápido e fluxos de trabalho simplificados, o sistema MiSeq oferece uma alternativa de baixo custo para a eletroforese capilar (CE, capillary electrophoresis) para aplicativos como ressequenciamento direcionado, verificação de clonagem e sequenciamento Amplicon. Os fluxos de trabalho de análise otimizada também estão disponíveis para o sequenciamento de genoma pequeno, metagenômica 16S, sequenciamento de RNA, sequenciamento de HLA, perícia, triagem genética pré-implantação (PGS, preimplantation genetic screening) e diagnóstico genético pré-implantação (PGD, preimplantation genetic diagnosis), bem como para aplicações altamente multiplexadas, como o Amplicon personalizado TruSeq® e o enriquecimento personalizado TruSeq. As durações de leitura ajustáveis, opções de lâminas de fluxo e a opção de leitura única ou do tipo paired-end permitem uma flexibilidade incomparável para corresponder a produção de dados com uma ampla gama de necessidades experimentais.

Somente para pesquisa. Não recomendado para uso em procedimentos de diagnóstico.

Especificações do sistema MiSeq

Configuração do instrumento

Rastreamento de RFID para materiais de consumo
MiSeq Control Software
MiSeq Reporter Software

Computador de controle de instrumento (interno)*

Unidade de base: CPU com Intel Core i7-2710QE de 2,10 GHz
Memória: 16 GB RAM
Disco rígido: 750 GB
Sistema operacional: Windows 7 padrão integrado
*As especificações de computador estão sujeitas a alterações.

Ambiente de operação

Temperatura: 22°C ± 3°C
Umidade: Não condensada, 20% a 80%
Altitude: Inferior a 2.000 m (6.500 pés)
Qualidade do ar: Classificação de grau de poluição de II
Ventilação: Máximo de 1.364 BTU/h
Somente para uso em ambientes fechados

Diodo emissor de luz (LED, Light Emitting Diode)

530 nm, 660 nm

Dimensões

LxPxA: 68,6 cm x 56,5 cm x 52,3 cm (27 pol x 22,2 pol x 20,6 pol)
Peso: 57,2 kg (126 lb)
Peso na caixa: 93,6 kg (206 lb)

Requisitos de energia

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

Identificador de radiofrequência (RFID, Radio Frequency Identifier)

Frequência: 13,56 MHz
Alimentação: 100 mW

Conformidade e segurança do produto

Certificado pelo NRTL, IEC 61010-1
Marca CE
Aprovado pela FCC/IC

Parâmetros de desempenho do sistema MiSeq

Kit de reagentes do MiSeq v2

Tamanho da leitura	Tempo total*	Produção
1 × 36 bp	~4 horas	540 a 610 Mb
2 × 25 bp	~5,5 horas	750 a 850 Mb
2 × 150 bp	~24 horas	4,5 a 5,1 Gb
2 × 250 bp	~39 horas	7,5 a 8,5 Gb

Leituras que passam o filtro†

Leituras únicas	12 a 15 M
Leituras do tipo paired-end	24 a 30 M

Pontuações por qualidade††

> 90% das bases superiores a Q30 a 1 × 36 bp
> 90% das bases superiores a Q30 a 2 × 25 bp
> 80% das bases superiores a Q30 a 2 × 150 bp
> 75% das bases superiores a Q30 a 2 × 250 bp

Kit de reagentes do MiSeq v3

Tamanho da leitura	Tempo total*	Produção
2 × 75 bp	~21 horas	3,3 a 3,8 Gb
2 × 300 bp	~56 horas	13,2 a 15 Gb

Leituras que passam o filtro†

Leituras únicas	22 a 25 M
Leituras do tipo paired-end	44 a 50 M

Pontuações por qualidade††

> 85% das bases superiores a Q30 a 2 × 75 bp
> 70% das bases superiores a Q30 a 2 × 300 bp

* O número total de vezes inclui a clusterização, o sequenciamento e a identificação de bases em um sistema MiSeq habilitado com leitura de superfície dupla.

† Especificações de instalação baseadas na biblioteca de controle Illumina PhiX nas densidades de cluster suportadas entre clusters que passam o filtro de 865 a 965 k/mm² para química v2 e clusters que passam o filtro de 1200 a 1400 k/mm² para química v3. Os parâmetros reais de desempenho podem variar com base no tipo de amostra, na qualidade da amostra e nos clusters que passam o filtro.

†† É estabelecida uma média da porcentagem das bases > Q30 de toda a execução.

bp = pares de base, Mb = megabases, Gb = gigabases, M = milhões

Informações sobre o Pedido

Nome do instrumento	N.º do catálogo
Sistema MiSeq	SY-410-1003

Saiba mais

Para saber mais sobre a nova revolução no sequenciamento para desktop, acesse: www.illumina.com/miseq

Referências

1. 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.
2. 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.
3. 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.
4. 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.
5. 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.

Maximize o desempenho e a produtividade com os serviços, o treinamento e a consultoria da Illumina

Se você precisar de ajuda imediata durante a execução de um instrumento ou de consultoria sobre fluxos de trabalho sofisticados, a Illumina pode ajudar. As equipes de manutenção e suporte da Illumina oferecem um pacote completo de soluções práticas e personalizadas, de treinamentos iniciais a suporte a instrumentos e consultoria contínua sobre o NGS. Nossas ofertas de suporte incluem:

Serviços de cuidados com os produtos

- Planos diferenciados de manutenção de instrumentos + serviços complementares
- Serviços de conformidade de instrumentos
- Manutenção de instrumentos sob demanda

Treinamento na Universidade Illumina

- Treinamento com instrutor no local de sua escolha
- Treinamento com instrutor no Centro de Treinamento Illumina
- Cursos on-line e webinars

Consultoria Illumina

- Serviços de comprovação de conceito para testes de preparação de biblioteca e instrumentos
- Serviços de concierge para assistência no design e otimização do produto

Para ver mais ofertas de suporte da Illumina, acesse: www.illumina.com/services/instrument-services-training.html

ILLUMINA • 1.800.809.4566 ligação gratuita (EUA) • +1.858.202.4566 tel • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

Somente para pesquisa. Não recomendado para uso em procedimentos de diagnóstico.

© 2015 Illumina, Inc. Todos os direitos reservados. Illumina, BaseSpace, MiSeq, Nextera, TruSeq e a cor de abóbora são marcas comerciais ou marcas registradas da Illumina, Inc. e/ou de suas afiliadas nos EUA e/ou em outros países. N.º da publicação 770-20111-001-PTB Atualizada em 17 maio 2016



AATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAAC
AACGTACCGTAACGAACGTATCATTAAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAAC
ACGAAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAAC
AGTACCATTAAGAGCTACCGTGCAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAAC
AATGATAACAGTAACAGACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGACGAAAAGAATGATAAC
TTACTTGATCCACTGATTCAACGTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAGCAACG
TATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTGTTAACCTTAAGATTACTTGATCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTGCAACGAAAAGAATGATAAC