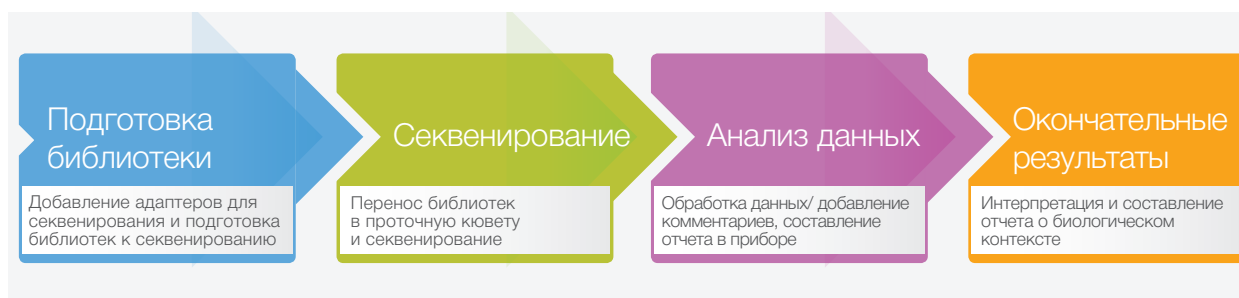


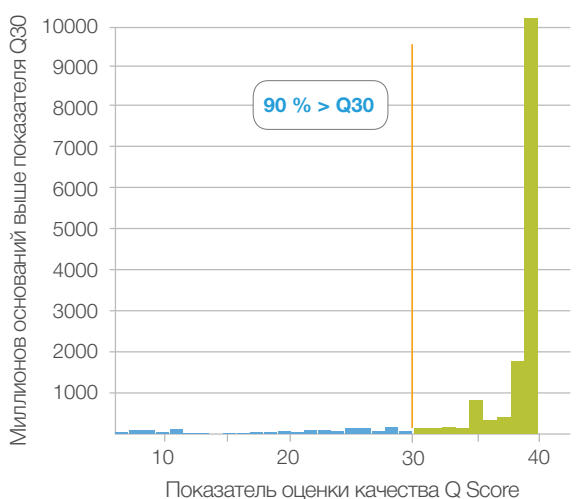


Рис. 2. Рабочий процесс MiSeq



Революционный рабочий процесс системы MiSeq сокращает время выполнения цикла и позволяет проводить настольное секвенирование нового поколения. Образцы были подготовлены с помощью комплекта подготовки библиотеки Nextera XT. Секвенирование продолжительностью четыре часа включает в себя генерацию кластеров, секвенирование и распознавание оснований, прошедших оценку качества, со сканированием двух поверхностей для цикла с 1 × 36 пар оснований на системе MiSeq с программным обеспечением MiSeq Control v2.4.

Рис. 3. Распределение показателей оценки качества для системы MiSeq



Показатели оценки качества для контрольной библиотеки PhiX, цикл с 2 × 300 парами оснований на системе MiSeq с программным обеспечением MiSeq Control v2.4. Данный пример показывает, что 90 % оснований секвенировано с показателем качества выше Q30.

### Обширный набор областей применения

Изучите постоянно растущий диапазон областей применения секвенирования. Благодаря меньшему времени выполнения цикла и упрощенным рабочим процессам система MiSeq предлагает экономичную альтернативу капиллярному электрофорезу (КЭ) для таких областей применения, как целенаправленное ресеквенирование, проверка клонов и секвенирование ампликона. Рабочие процессы анализа также оптимизированы для секвенирования генома малого размера, метагеномного анализа 16S рРНК, секвенирования РНК, секвенирования человеческого лейкоцитарного антигена (HLA), судебно-медицинской экспертизы, преимплантационного генетического скрининга (ПГС) и преимплантационной генетической диагностики (ПГД), а также для областей применения с крайне сложной структурой, таких как TruSeq® Custom Amplicon и TruSeq Custom Enrichment. Настраиваемая длина считывания, различные типы проточных кювет и возможность выбора считывания одиночных или парных концевых фрагментов обеспечивают беспрецедентную адаптируемость, благодаря чему выходные данные соответствуют широкому ряду потребностей, возникающих в ходе экспериментов.

Предназначено исключительно для использования в научно-исследовательских целях. Не предназначено для использования в диагностических процедурах.

### Технические характеристики системы MiSeq

#### Конфигурация прибора

RFID-отслеживание расходных материалов  
Управляющее программное обеспечение MiSeq  
Программное обеспечение MiSeq Reporter

#### Управляющий компьютер прибора (Внутренний)\*

Системный блок: процессор Intel Core i7-2710QE 2,10 ГГц  
Память: оперативная память 16 Гб  
Жесткий диск: 750 Гб

Операционная система: Windows 7 embedded standard

\*Технические характеристики компьютера могут меняться.

#### Условия эксплуатации

Температура: 22 °C ± 3 °C  
Влажность: без конденсации, 20–80 %  
Высота над уровнем моря: менее 2 000 м (6 500 футов)  
Качество воздуха окружающей среды: степень загрязнения II  
Вентиляция: максимально 1 364 БТЕ/ч  
Предназначено для использования только внутри помещений

#### Светодиод (LED)

530 нм, 660 нм

#### Размеры

Ш × Г × В: 68,6 см × 56,5 см × 52,3 см  
(27,0 дюйма × 22,2 дюйма × 20,6 дюйма)  
Вес: 57,2 кг (126 фунтов)

Вес в упаковке: 93,6 кг (206 фунтов)

#### Требования к электропитанию

100–240 В перем. тока при 50/60Гц, 10 А, 400 Вт

#### Радиочастотный идентификатор (RFID)

Частота: 13,56 МГц

Мощность: 100 мВт

#### Безопасность и соответствие изделия требованиям стандартов

NRTL-сертифицированный стандарт IEC 61010-1

Маркировка CE

Утверждено Федеральной комиссией по связи (FCC) / Министерством промышленности Канады (IC)

**Рабочие параметры системы MiSeq****Комплект реактивов MiSeq v2**

Длина считывания	Общее время*	Выходные данные
1 × 36 п. о.	~4 ч	540–610 Мб
2 × 25 п. о.	~5,5 ч	750–850 Мб
2 × 150 п. о.	~24 ч	4,5–5,1 Гб
2 × 250 п. о.	~39 ч	7,5–8,5 Гб

**Считывания, проходящие фильтр†**

Считывания одиночных концевых фрагментов	12–15 млн
Считывания парных концевых фрагментов	24–30 млн

**Показатели качества††**

> 90 % оснований с показателем качества выше Q30 при считывании 1 × 36 п. о.
> 90 % оснований с показателем качества выше Q30 при считывании 2 × 25 п. о.
> 80 % оснований с показателем качества выше Q30 при считывании 2 × 150 п. о.
> 75 % оснований с показателем качества выше Q30 при считывании 2 × 250 п. о.

**Комплект реактивов MiSeq v3**

Длина считывания	Общее время*	Выходные данные
2 × 75 п. о.	~21 ч	3,3–3,8 Гб
2 × 300 п. о.	~56 ч	13,2–15 Гб

**Считывания, проходящие фильтр†**

Считывания одиночных концевых фрагментов	22–25 млн
Считывания парных концевых фрагментов	44–50 млн

**Показатели качества††**

> 85 % оснований с показателем качества выше Q30 при считывании 2 × 75 п. о.
> 70 % оснований с показателем качества выше Q30 при считывании 2 × 300 п. о.

\* В общее время входят генерация кластеров, секвенирование и распознавание оснований на системе MiSeq со сканированием двух поверхностей.

† Установите технические характеристики на основе контрольной библиотеки PhiX компании Illumina при поддерживаемой плотности кластеров в пределах от 865–965 тыс./мм<sup>2</sup> кластеров, проходящих фильтр, для химической реакции v2 и 1 200–1 400 тыс./мм<sup>2</sup> кластеров, проходящих фильтр, для химической реакции v3. Фактические рабочие параметры могут меняться в зависимости от типа и качества образца и кластеров, проходящих фильтр.

†† Процент оснований с показателем качества > Q30 является усредненным на протяжении всего цикла.

п. о. = пары оснований, Мб = мегабайты, Гб = гигабайты, млн = миллионы

**Информация для заказа**

Наименование прибора	Номер по каталогу
Система MiSeq	SY-410-1003

**Дополнительная информация**

Для получения информации о настольном секвенировании нового поколения посетите веб-сайт: [www.illumina.com/miseq](http://www.illumina.com/miseq)

**Список литературы**

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.

