

抽样数据使用开放获取的装配软件MIRA¹和Ray²，并与Ion Torrent读取的整个数据组进行比较³。据报告，这些开源的装配工具能很好地用于Illumina和Ion Torrent的数据³，并产生了与处理MiSeq数据的Velvet相当的结果。

结果与数据分析

MiSeq和HiSeq系统产生的数据表现出相似的簇密度以及通过过滤的簇数量。HiSeq和MiSeq读取的de novo装配指标非常相似（表1）。HiSeq和MiSeq数据与参考序列的比较说明了GC含量范围内的相同覆盖（图1）。MiSeq装配与大肠杆菌参考序列重叠的数据是以Circos曲线显示的（图2），说明了整个基因组范围的极佳覆盖。

将2 × 150 bp MiSeq运行的de novo装配数据与Ion Torrent的数据³进行了比较。为了平等的比较，MiSeq的50 × 覆盖度抽样数据，包含231 Mb，约为数据的1/7。与整个Ion Torrent的数据组相比，抽样的MiSeq数据在最大contig长度和N50值上都明显更佳（图3A和3B）。

Illumina China

上海办公室

地址：上海市卢湾区淮海中路333号瑞安广场2210室，200021

电话：+86-21-60321066 传真：+86-21-61138320

北京办公室

地址：北京市朝阳区曙光西里甲5号凤凰置地广场H座写字楼1103A室，100028

电话：+86-10-84554866 传真：+86-10-84554855

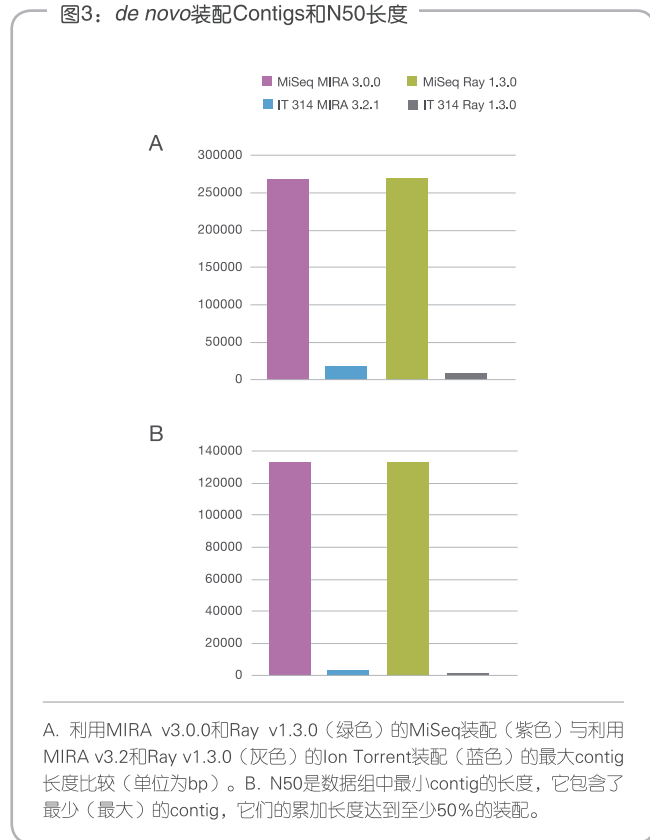
2012年5月22日印刷

Illumina, Inc. • 9885 Towne Centre Drive, San Diego, CA 92121 USA • 1.800.809.4566 toll-free • 1.858.202.4566 tel • techsupport@illumina.com • illumina.com

FOR RESEARCH USE ONLY

© 2011 Illumina, Inc. All rights reserved.

Illumina, illuminaDX, BeadArray, BeadXpress, cBot, CSPro, DASL, Eco, GAllx, Genetic Energy, Genome Analyzer, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, Infinium, iSelect, MiSeq, Nextera, Sentrix, Solexa, TruSeq, VeraCode, the pumpkin orange color, and the Genetic Energy streaming bases design are trademarks or registered trademarks of Illumina, Inc. All other brands and names contained herein are the property of their respective owners. Pub. No. 770-2011-009 Current as of 8 August 2011



结论

利用从细菌DNA制备而来的同一文库，MiSeq上的测序与HiSeq非常相近；两个平台都产生了高质量的数据，其中85%以上的碱基高于Q30，且有着均匀的GC覆盖。这些数据的de novo装配也产生了相似的结果，极好地覆盖了参考序列。MiSeq系统上产生的测序结果很好地预测了高通量HiSeq 2000测序平台所带来的结果，让MiSeq成为试行大规模研究或开展需要速度和准确性的独立实验的理想选择。与Ion Torrent相比，高质量、配对末端MiSeq读取对de novo装配的重要性是显而易见的。MiSeq末端配对读取所产生的高质量装配表明，更好的数据带来基因组的更准确图像。

参考资料

1. http://www.chevreux.org/projects_mira.html
2. <http://sourceforge.net/projects/denovoassembler/files>
3. <http://pathogenomics.bham.ac.uk/blog/2011/05/first-look-at-ion-torrent-data-de-novo-assembly>

illumina®