



取决于某一测序应用所需的基因组覆盖度，MiSeq序列read长度可调整，以带来速度和质量的适当组合。表3显示了不同读长时大肠杆菌MG1655的MiSeq序列产出。正如预期，随着read长度增加，并使用双端读取，平均覆盖深度增加而缺口相应减少。MiSeq上最长的双端读长(2 × 150 bp)带来了99.83%的最高的基因组覆盖度。

## 结论

细菌基因组DNA样本可利用Nextera制备，在MiSeq系统上测序，并在八小时工作日内完成分析。短读取足以获得高质量的小型基因组装配，随着read长度增加，并使用双端读取，质量可小幅改善。Nextera提供了充分的灵活性，可根据实验的时间和质量要求，调整read长度，选择单端或双端读取。对于所有小型基因组测序项目，Nextera和MiSeq可在最快的时间内提供最高质量的序列。

表3: 各种read长度的主要测序指标

指标	2×150 bp	2×50 bp	2×35 bp	1×35 bp
基因组覆盖度	99.83	99.70	99.61	97.89
平均覆盖深度	356	117	81	41
缺口数	55	121	259	345
缺口平均大小	373	258	161	296
总的缺口 (Kb)	20.5	31.1	41.6	102.1

## 参考文献

1. *De novo* bacterial sequencing on the MiSeq system. 2011 Illumina Application Note.
2. Zerbino DR and E Birney (2008) Velvet: Algorithms for *de novo* short read assembly using de Bruijn graphs. *Genome Res* 18:821–9.
3. Ion Torrent Workflow Brochure, 2011  
[http://www.iontorrent.com/lib/images/PDFs/co31580\\_workflow.pdf](http://www.iontorrent.com/lib/images/PDFs/co31580_workflow.pdf)

## 了解更多

请访问 [www.illumina.com/miseq](http://www.illumina.com/miseq)，了解个人型测序的下一场革命。

## illumina 中国

上海办公室 · 电话 (021) 6032-1066 · 传真 (021) 6090-6279  
北京办公室 · 电话 (010) 8455-4866 · 传真 (010) 8455-4855  
技术支持热线 400-066-5835 · [techsupport@illumina.com](mailto:techsupport@illumina.com) · [www.illumina.com.cn](http://www.illumina.com.cn)

仅供研究使用。不得用于诊断。

© 2011–2012, 2014 Illumina, Inc. 保留所有权利。Illumina, illuminaDx, BaseSpace, BeadArray, BeadXpress, cBot, CSPPro, DASL, DesignStudio, Eco, GAllx, Genetic Energy, Genome Analyzer, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, Infinium, iSelect, MiSeq, Nextera, Sentrix, SeqMonitor, Solexa, TruSeq, VeraCode 和南瓜橙色是 Illumina, Inc. 的商标或注册商标。本文档包含的所有其他品牌和名称均为其各自所有者的财产。Pub. No. 770-2011-018 Current as of 10 November 2014

表2: 从头组装指标 2 × 150 bp

指标	Nextera 文库制备	TruSeq 文库制备
装配大小 (Kb)	4.57	4.57
最大contig (Kb)	314	312
N50 (Kb (contigs))	175 (11)	149 (11)
平均contig (Kb)	38.0	36.6
contig数量	120	125
基因组覆盖度百分比	99.96	99.93



@illumina\_china



@illumina

illumina®