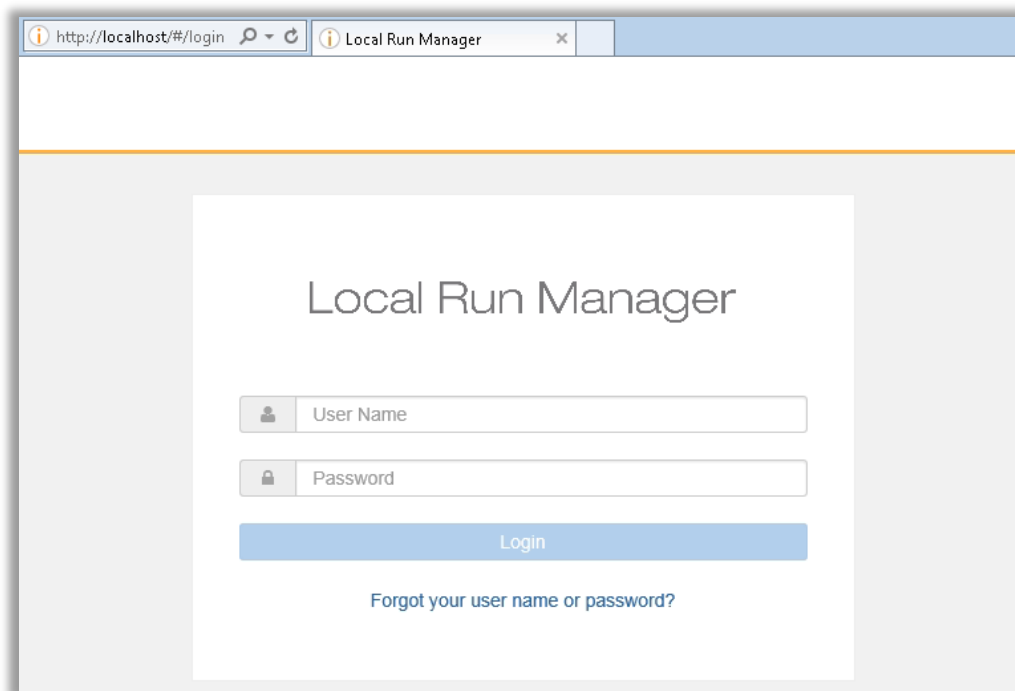
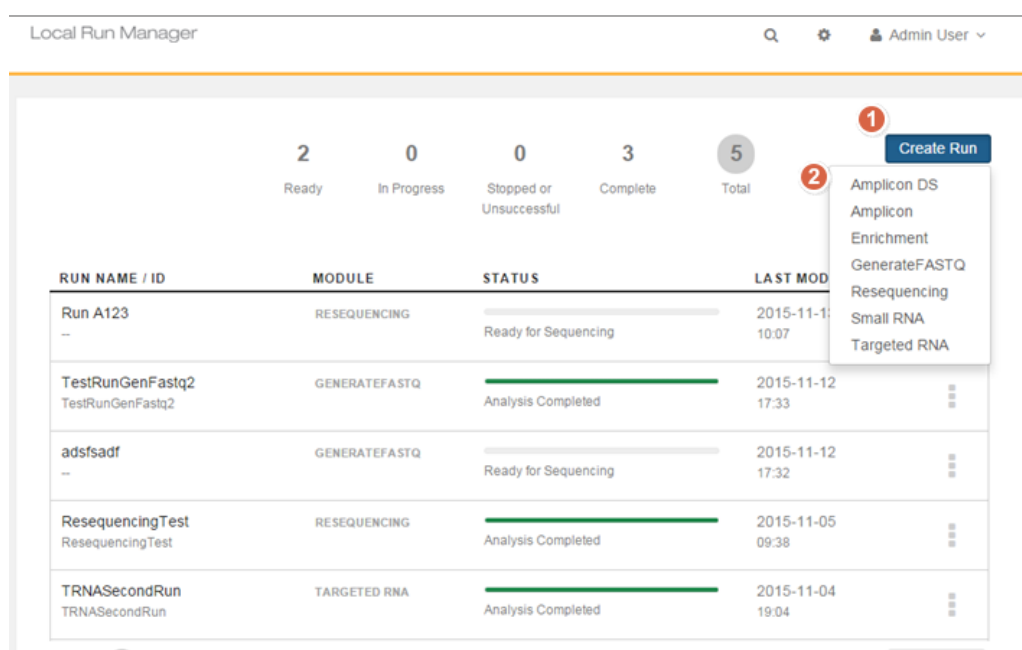


MiniSeq 测序仪通过 Local Run Manager (LRM) 上机 简要操作手册

1. 打开 Chromium 浏览器，在地址栏输入“Localhost”，通过用户自己的用户名和密码登陆 LRM。



2. 登陆后，创建一个新的 RUN。如果是 Phix run, 请选择 Resequencing, 其他试剂盒请根据试剂盒中推荐的分析方法进行选择。



3. 进行具体 RUN 的参数设置。

1. 输入Run的名称及描述

2. 选择试剂盒, Index Reads, 和测序设置

3. 选择 Module-Specific 设置 – 不同分析方法此处不同. 详见具体说明书.

4. 填写样品信息。

	SAMPLE ID*	SAMPLE DESCRIPTION	INDEX 1 (I7)*	INDEX 2 (I5)*	MANIFEST*
1	Sample_1		N701	E501	
2					
3					

1. 添加样品编号

2. 添加 Index 信息

3. 如果有manifest, 请选择

如

样品较多时, 可以采用批量模板编辑的方式上传样本信息。

4. 导入样品模板

1. 选择模板

2. 下载模板打开

3. 在下载模板中编写样品信息

	A	B	C	D	E
1	Sample_ID	Description	I7_Index_ID	I5_Index_ID	Manifest
2	Sample_1	Test	N701	E501	trusight_one_manifest.txt
3	[Sample_ID_2]	[Description_2]	[I7_Index_ID_2]	[I5_Index_ID_2]	[Manifest_2]
4	[Sample_ID_3]	[Description_3]	[I7_Index_ID_3]	[I5_Index_ID_3]	[Manifest_3]
5	[Sample_ID_4]	[Description_4]	[I7_Index_ID_4]	[I5_Index_ID_4]	[Manifest_4]

5. 所有信息确认无误后，点击右下方的 **Save Run**。

Run Name* Training

Run Description Run Description

Run Settings

Library Prep Kit* TruSight Enrichment

Index Reads* 0 1 2

Read Type* Single Read Paired End

Read Lengths* READ 1: 151, INDEX 1: 8, INDEX 2: 8, READ 2: 151

Module-Specific Settings

Aligner* BWA-MEM

Variant Caller* Staring

Manifest Padding* 150

Flag PCR Duplicates* On

Indel Realignment* On

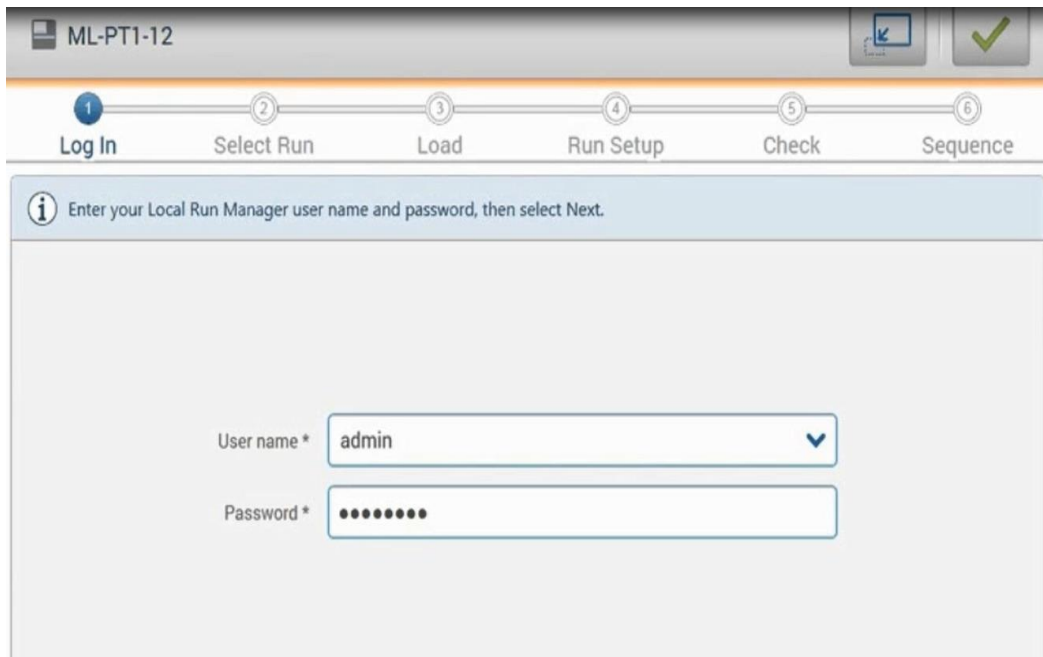
	SAMPLE ID*	SAMPLE DESCRIPTION	INDEX 1 (R)*	INDEX 2 (R)*	MANIFEST*
1	Sample_1	Test	N701	E503	truight_one_manifest.txt
2	Sample_2	Training	N705	E503	truight_one_manifest.txt
3	Sample_3		N709	E503	truight_one_manifest.txt

Save Run

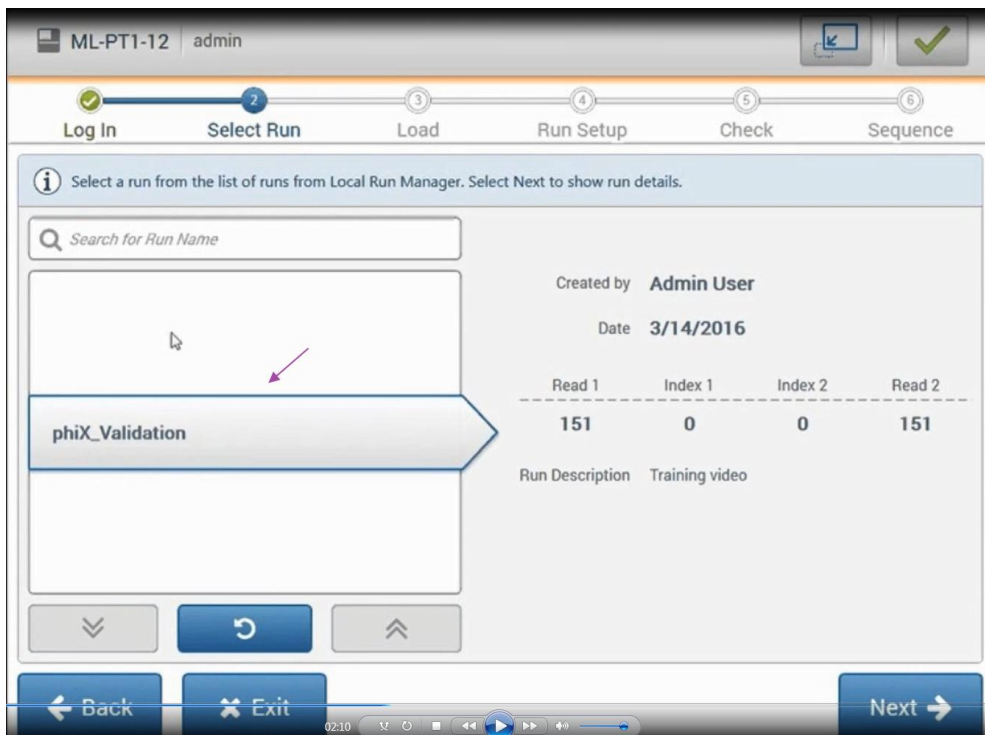
6. 以上 5 步，LRM 中的操作已完成。请打开 **Miniseq control software** 软件。用户名: **sbsuser** 密码: **sbs123** 点击 Sequence,



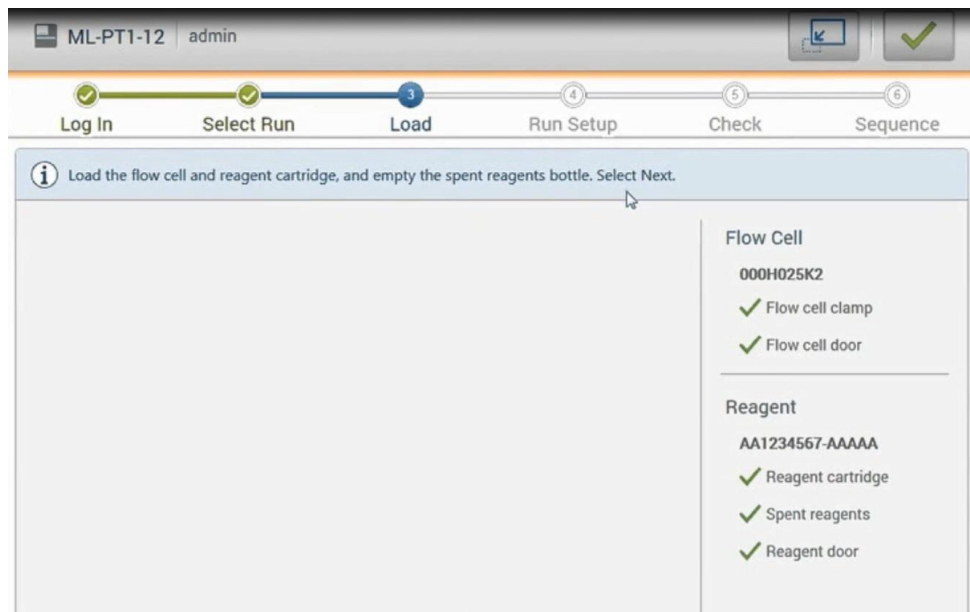
7. 输入 LRM 的用户名和密码，将 LRM 账户与 Miniseq 测序仪进行关联。



8. 选中之前设置好的 Run，点击 Next。



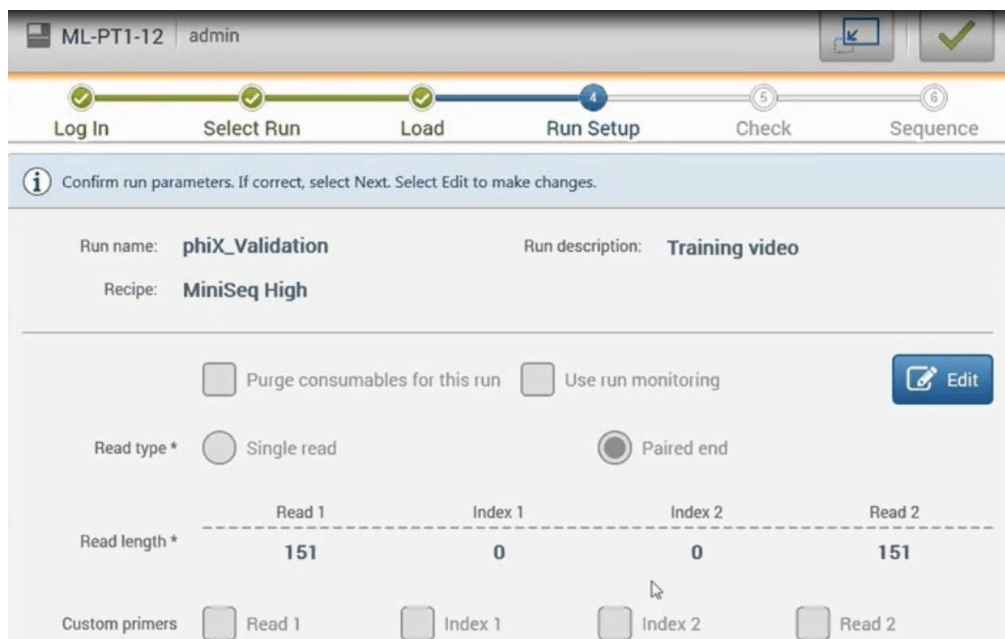
9. 按照仪器上的提示，放入测序用的流动槽及试剂后，点击 **Next**



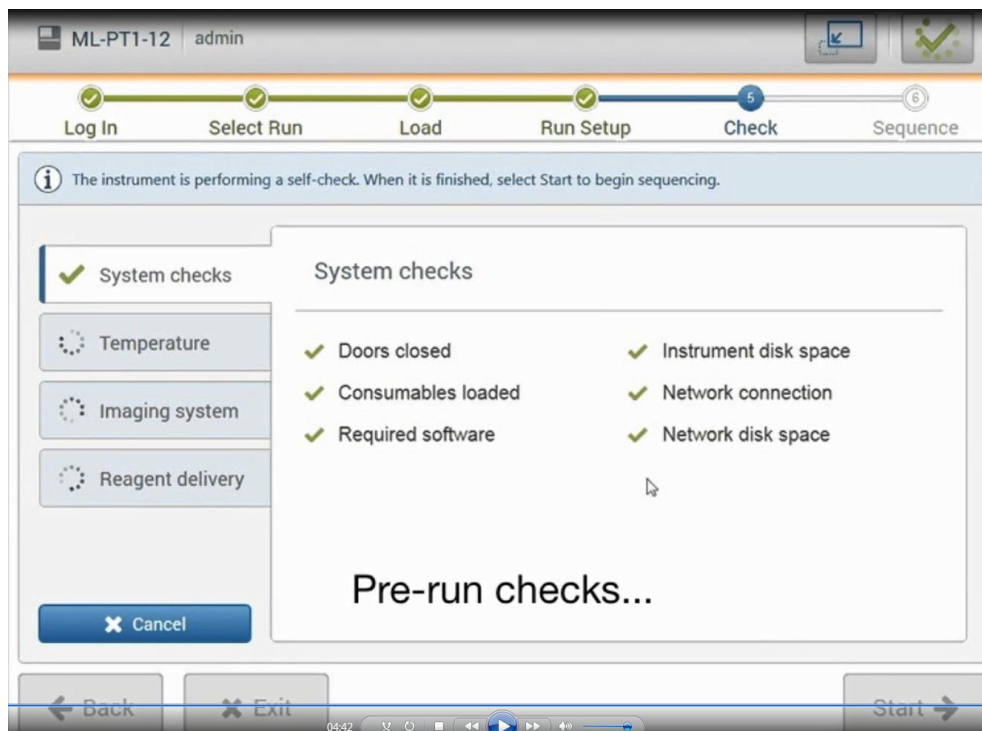
注意事项：

- 流动槽取出后注意观察是否有破损，表面有无灰尘，如果有请参照 Miniseq 说明书中的方法进行清洁。
- 化冻后的试剂夹盒翻转 5 次以上进行混匀，并在工作台上轻敲去除气泡。
- 用干净的 1ml 枪头将试剂将试剂夹盒中放入文库的 16 号孔铝箔戳破，并加入 500ml 最终文库，枪头不要碰到铝箔。
- 清空废液槽。

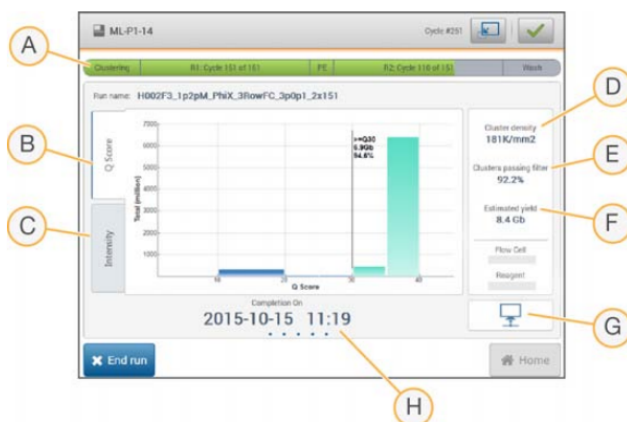
10. 请再次核对前面设置的测序参数，确认后点击“Next”



11. 仪器进入自检状态，等自检全部通过后，点击右下角的“start”，开始测序。



12. 仪器进入测序状态一定循环后，会在仪器界面出现本次 Run 的一些基本参数。



- A **Run progress (运行进度)** — 显示每个片段的当前步骤和已完成的循环次数。进度条与每个步骤的运行率不成比例。
- B **Q-Score** — 显示质量分值 (Q-score) 的分布。请参见 *质量评分* (第 64 页)。
- C **Intensity (强度)** — 显示每个小区的第 90 个百分点的簇强度值。图的颜色表示每个碱基：红色为 A，绿色为 C，蓝色为 G，黑色为 T。
- D **Cluster density (簇密度) (K/mm²)** — 显示运行中所检测到的簇数。
- E **Clusters passing filter (簇通过过滤) (%)** — 显示簇通过过滤的百分比。请参见 *簇通过过滤* (第 64 页)。
- F **Estimated yield (估计的产量) (Gb)** — 显示预计运行会生成的碱基数。
- G **Data transfer status (数据传输状态)** — 根据分析配置显示数据传输的状态。
- H **Time to completion (完成时间)** — 显示运行完成的日期和时间 (yyyy-mm-dd hh:mm)。

13. 测序运行完成后，软件会启动运行后自动清洗，大概需要 90 分钟。清洗完成后，“Home (主屏幕)”按钮将变为可用。

此文档仅供参考，如果出现任何内容冲突，请以英文原版说明书为准。