

# Systeme MiSeq<sup>MC</sup>

Rapidité et simplicité pour  
un reséquençage ciblé et un  
séquençage de petits génomes

- Qualité exceptionnelle des données, démontrée par une comparaison scientifique examinée par des pairs
- Système hautement automatisé avec un flux de travail d'instruments simple et intuitif
- Séquençage rapide et détection de variants pour les études où le temps est un facteur critique
- Longueur de lecture réglable et options de la Flow Cell offrant une grande flexibilité pour une large gamme d'applications

illumina<sup>MD</sup>

## Introduction

Le système MiSeq offre la première plateforme de séquençage de l'ADN aux données intégrant la génération d'amplifiats, l'amplification, le séquençage et l'analyse des données dans un seul instrument. Son faible encombrement, d'environ 0,18 m<sup>2</sup> (2 pi<sup>2</sup>), lui permet de s'intégrer facilement dans pratiquement n'importe quel environnement de laboratoire (figure 1). Le système MiSeq s'appuie sur la chimie du séquençage par synthèse (SBS) d'Illumina, une technologie éprouvée de séquençage nouvelle génération (SNG) à l'origine de plus de 90 % des données de séquençage dans le monde<sup>1</sup>. Avec la puissance du SNG dans un format compact, le système MiSeq est la plateforme idéale pour une analyse génétique rapide et rentable.



Figure 1 : Système MiSeq – le système MiSeq compact est bien adapté au séquençage nouvelle génération rapide et rentable.

## Flux de travail SNG simple et intuitif

Le système MiSeq offre un logiciel de contrôle de l'instrument simple et facile à suivre. Effectuez les opérations de l'instrument à l'aide d'une interface intuitive sur écran tactile, utilisez des cartouches de réactifs prêtes à l'emploi avec suivi de l'identification par radiofréquence (RFID), consultez des didacticiels vidéo à l'écran et profitez d'un accompagnement pas à pas tout au long de chaque flux de travail de séquençage. Tous les systèmes MiSeq incluent l'analyse de données intégrée et l'accès à BaseSpace<sup>MC</sup> Sequence Hub, la plateforme infonuagique génomique d'Illumina. BaseSpace Sequence Hub permet de téléverser des données en temps réel, de disposer d'outils d'analyse des données simples, de surveiller les analyses sur Internet et de disposer d'une solution de stockage

sécurisée et évolutive. Une suite d'outils d'analyse des données et une liste croissante d'applications d'analyse tierces permettent aux chercheurs d'effectuer leurs propres analyses informatiques. BaseSpace Sequence Hub permet également de communiquer rapidement et facilement des données à des collègues ou à des clients.

## Temps de traitement court

La combinaison de la préparation rapide des bibliothèques et du système MiSeq permet d'obtenir des résultats en quelques heures plutôt qu'en quelques jours, grâce à un temps de traitement simple et accéléré (figure 2). Préparez votre bibliothèque de séquençage en seulement

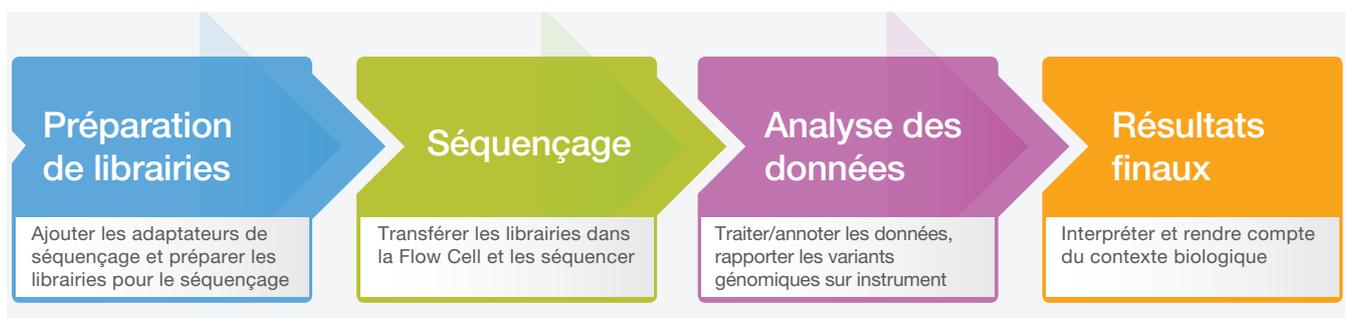


Figure 2 : Flux de travail du système MiSeq – le flux de travail rationalisé du système MiSeq permet un délai d'exécution rapide pour le séquençage de paillasse de nouvelle génération. Les bibliothèques peuvent être préparées avec n'importe quelle trousse de préparation de bibliothèque compatible. Le temps de séquence de cinq heures et demie comprend la génération d'amplifiats, le séquençage et la définition des bases dont la qualité est notée avec numérisation à double surface pour une série de 2 × 25 paires de bases sur un système MiSeq avec le logiciel MiSeq Control Software.

trois heures avec les réactifs de préparation de librairie DNA Prep d'Illumina, puis passez à l'amplification clonale automatisée, au séquençage et à la définition des bases dont la qualité est notée en seulement cinq heures et demie sur le système MiSeq (tableau 1). L'alignement de séquences peut être réalisé directement sur l'ordinateur de l'instrument intégré en trois heures avec le logiciel MiSeq Local Run Manager ou au moyen de BaseSpace Sequence Hub.

## Une qualité de données exceptionnelle

La chimie SBS d'Illumina permet d'obtenir une qualité de données exceptionnelle. Cette méthode brevetée fondée sur un terminateur réversible permet le séquençage massivement parallèle de milliards de fragments d'ADN, détectant des bases uniques à mesure que celles-ci sont incorporées dans des brins d'ADN croissants. Les marqueurs fluorescents des terminateurs sont imagés à mesure que chaque dNTP est ajouté, puis clivé afin de permettre l'intégration de la base suivante. Les quatre dNTP liés à des terminateurs réversibles sont présents au cours de chaque cycle, la compétition naturelle réduit au minimum le biais lié à l'incorporation. La définition des bases est effectuée directement en fonction des mesures d'intensité du signal au cours de chaque cycle, ce qui réduit considérablement les taux d'erreur bruts par rapport à d'autres technologies. Le résultat final est un séquençage base par base de haute précision qui élimine quasiment les erreurs spécifiques au contexte du séquençage, y compris dans les régions de séquences répétitives et au sein des homopolymères (figure 3)<sup>2</sup>.

## Suite complète d'applications

Découvrez un éventail d'applications de séquençage en constante augmentation. Avec des délais d'exécution plus courts et des flux de travail simplifiés, le système MiSeq offre un autre choix rentable que le séquençage par électrophorèse capillaire et la qPCR pour des applications telles que le reséquençage ciblé, la vérification de clones, le séquençage d'amplicons et l'expression de l'ARN. Le logiciel Local Run Manager et BaseSpace Sequence Hub offrent des flux d'analyse optimisés pour le séquençage de petits génomes, la métagénomique 16S, le séquençage de l'ARN,

le reséquençage ciblé et le criblage génétique préimplantatoire (PGS, Preimplantation Genetic Screening) ainsi que des applications hautement multiplexées telles que le séquençage d'amplicons avec AmpliSeq<sup>MC</sup> pour les panels Illumina. Les longueurs de lecture réglables, les options de la Flow Cell et le choix de lectures simples ou appariées offrent une grande flexibilité pour adapter le débit des données à un large éventail de besoins expérimentaux.

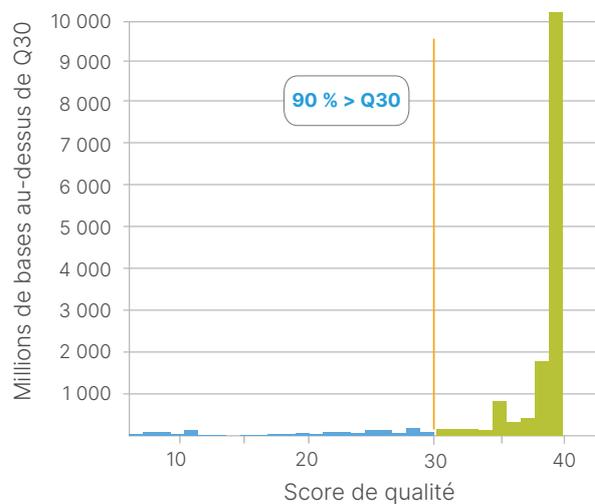


Figure 3 : Répartition des scores de qualité du système MiSeq – scores de qualité pour une librairie de contrôle PhiX, 2 × 300 paires de bases exécutées sur un système MiSeq avec le logiciel MiSeq Control Software v2.4. Cet exemple montre que 90 % des bases sont séquençées au-dessus de Q30.

Tableau 1 : Paramètres de performance du système MiSeq

| Longueur de lecture               | Durée totale <sup>a</sup> | Débit        | Scores de qualité <sup>b</sup>     | Lectures uniques <sup>c</sup> | Lectures appariées <sup>c</sup> |
|-----------------------------------|---------------------------|--------------|------------------------------------|-------------------------------|---------------------------------|
| <b>MiSeq Reagent Kit v2</b>       |                           |              |                                    |                               |                                 |
| 2 × 25 pb                         | Env. 5 heures et demie    | 750 à 850 Mb | > 90 % des bases supérieures à Q30 |                               |                                 |
| 2 × 150 pb                        | Env. 24 heures            | 4,5 à 5,1 Gb | > 80 % des bases supérieures à Q30 | 12 à 15 M                     | 24 à 30 M                       |
| 2 × 250 pb                        | Env. 39 heures            | 7,5 à 8,5 Gb | > 75 % des bases supérieures à Q30 |                               |                                 |
| <b>MiSeq Reagent Kit v3</b>       |                           |              |                                    |                               |                                 |
| 2 × 75 pb                         | Env. 21 heures            | 3,3 à 3,8 Gb | > 85 % des bases supérieures à Q30 | 22 à 25 M                     | 44 à 50 M                       |
| 2 × 300 pb                        | Env. 56 heures            | 13,2 à 15 Gb | > 70 % des bases supérieures à Q30 |                               |                                 |
| <b>MiSeq Reagent Kit v2 Micro</b> |                           |              |                                    |                               |                                 |
| 2 × 150 pb                        | Env. 19 heures            | 1,2 Gb       |                                    | 4 M                           | 8 M                             |
| <b>MiSeq Reagent Kit v2 Nano</b>  |                           |              |                                    |                               |                                 |
| 2 × 150 pb                        | Env. 17 heures            | 300 Mb       |                                    | 1 M                           | 2 M                             |
| 2 × 250 pb                        | Env. 28 heures            | 500 Mb       |                                    |                               |                                 |

a. La durée totale comprend la génération d'amplifiats, le séquençage et la définition des bases sur un système MiSeq équipé d'une numérisation à double surface.

b. La moyenne du pourcentage de bases > Q30 est calculée sur l'intégralité de l'analyse.

c. Les spécifications d'installation sont basées sur la librairie de contrôle PhiX d'Illumina aux densités d'amplifiats prises en charge entre 467 et 583 k/mm<sup>2</sup> amplifiats passant le filtre pour la chimie v2 et entre 727 et 827 k/mm<sup>2</sup> amplifiats passant le filtre pour la chimie v3. Les paramètres de performance réels peuvent varier en fonction du type de librairie, de la qualité de la librairie et du nombre d'amplifiats passant le filtre.

## En savoir plus

Pour en savoir plus sur le système MiSeq, visitez le site [illumina.com/systems/sequencing-platforms/miseq.html](http://illumina.com/systems/sequencing-platforms/miseq.html).

## Références

1. Data calculations on file. Illumina, Inc., 2017.
2. Bentley DR, Balasubramanian S, Swerdlow HP, et al. [Accurate Whole Human Genome Sequencing using Reversible Terminator Chemistry](#). *Nature*. 2008;456(7218):53-59.

## Caractéristiques techniques du système MiSeq

| Paramètre   | Caractéristiques techniques  |
|---|--|
| Configuration de l'instrument                                 | Suivi par RFID pour les consommables<br>Logiciel MiSeq Control Software<br>Logiciel Local Run Manager  |
| Ordinateur de commande de l'instrument (interne) <sup>a</sup> | Unité de base : processeur Intel Core i7-2710QE 2,10 GHz<br>Mémoire : 16 Go RAM<br>Disque dur : disque à circuits intégrés (SSD) de 1 To<br>Système d'exploitation : Windows 10 Enterprise LTSC  |
| Environnement de fonctionnement                               | Température : 22 °C ± 3 °C<br>Humidité : 20 % à 80 % sans condensation<br>Altitude : moins de 2 000 m (6 500 pi)<br>Qualité de l'air : classement pollution de niveau II<br>Ventilation : maximum de 1 364 BTU/h<br>Réservé à un usage à l'intérieur |
| Diode électroluminescente (DEL)                               | 520 nm, 660 nm   |
| Dimensions  | L×P×H : 68,6 cm × 56,5 cm × 52,3 cm (27,0 po × 22,2 po × 20,6 po)<br>Poids : 57,2 kg (126 lb)<br>Poids emballé : 93,6 kg (206 lb)  |
| Exigences d'alimentation                                      | 90 à 264 V CA à 50/60 Hz, 10 A, 400 W  |
| Identification par radiofréquence (RFID)                      | Fréquence : 13,56 MHz<br>Puissance : 100 mW  |
| Sécurité et conformité du produit                             | Certifié NRTL CEI 61010-1<br>Certifié CE<br>Conforme FCC/IC  |

a. Les spécifications informatiques sont susceptibles de changer.

## Renseignements relatifs à la commande

| Produit  | N° de référence |
|--|-----------------|
| Système MiSeq  | SY-410-1003     |
| MiSeq Reagent Kit v2 (50 cycles) <sup>a</sup>        | MS-102-2001     |
| MiSeq Reagent Kit v2 (300 cycles) <sup>a,b</sup>     | MS-102-2002     |
| MiSeq Reagent Kit v2 (500 cycles) <sup>a,b</sup>     | MS-102-2003     |
| MiSeq Reagent Kit v3 (150 cycles) <sup>b</sup>       | MS-102-3001     |
| MiSeq Reagent Kit v3 (600 cycles) <sup>b</sup>       | MS-102-3003     |
| MiSeq Reagent Micro Kit v2 (300 cycles) <sup>b</sup> | MS-103-1002     |
| MiSeq Reagent Nano Kit v2 (300 cycles) <sup>b</sup>  | MS-103-1001     |
| MiSeq Reagent Nano Kit v2 (500 cycles)               | MS-103-1003     |

a. Paquets de 20 en vente

b. Produits Illumina Advantage disponibles; les consommables qui portent le code TG comprennent des caractéristiques qui aident les clients à réduire la fréquence de revalidation. Ces consommables sont remis uniquement en vertu d'une entente d'approvisionnement, et le client doit fournir une prévision à caractère contraignant. Communiquez avec votre gestionnaire de compte pour en savoir plus.

**illumina**<sup>MD</sup>

Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809 4566 | Téléphone : + (1) 858 202 4566  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2022 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).

M-GL-00006 FRA v2.1