

MiSeq® System

最も高精度で簡単なデスクトップ型次世代シーケンサー

MiSeqシステムの特長

- **圧倒的なデータ品質**
論文審査をうけた科学的な比較で実証された高品質なデータ
- **シンプルで直感的なシステム操作**
完全自動化システムは、シンプルで使いやすいインターフェースを提供
- **最速のランタイム**
時間制約のある研究でも、最も迅速なシーケンスと変異検出を実現
- **主要アプリケーションへの最適化**
選べるリード長とフローセルの選択で、幅広いアプリケーションに対応した究極の柔軟性を提供

はじめに

MiSeqシステムは、DNA増幅からシーケンス、データ解析を1台の装置に統合し、シーケンスの始めから終わりまでのソリューションを提供します。約60cm²に収まるコンパクトなサイズを実現し、どの研究室にも容易に設置可能です（図1）。MiSeqシステムは、4,045報以上の論文で実績をもつイルミナの1塩基合成（SBS）ケミストリーを採用し、迅速でコスト効率のよい遺伝解析が必要な研究室に理想的なシステムです。

圧倒的なデータ品質

イルミナの1塩基合成ケミストリーは、最も幅広く適応されている次世代シーケンサーテクノロジーです。圧倒的なデータ品質は、可逆的ターミネーター法に基づく独自のテクノロジーにより、DNA鎖における1塩基合成検出を可能にしました。各dNTPが取り込まれるたびに、保護基についている蛍光標識は画像取得され、その後、次の塩基の取り込み反応のために除去されます。可逆的ターミネーターを備えた4種類のdNTPが各シーケンス反応に存在するため、自然な競合条件となり、取り込みのばらつきが最小限に抑えられます。ベースコールは各反応サイクルから得られる蛍光色素強度によって測定されるため、他のテクノロジーと比べて生データのエラーレートを大きく低減します¹⁻⁵。この結果、1反応サイクルごとに1塩基のみが合成されるため、シーケンス配列特有のエラーを抑え、安定したベースコールを可能にし、ホモポリマーでも問題が生じる心配はありません。TruSeqテクノロジーを用いたイルミナ次世代シーケンサーは、複雑なサンプルや高感度が求められるサンプルでも、高いエラーフリー率を誇るデータをもたらしめます。

シンプルで直感的なシステム操作

MiSeqシステムは、わかりやすく簡単なシステムの制御ソフトウェアを提供しています。シンプルで直感的なタッチスクリーン、RFIDトラッキング機能がついた調製済みの試薬キット、画面上の使い方のビデオ、シーケンスワークフローをステップごとに説明したガイドにより達成されています。

全てのMiSeqシステムは、イルミナのゲノム解析クラウドプラットフォームであるBaseSpaceへのアクセスが可能です。BaseSpaceはリアルタイムのデータ転送、シンプルなデータ解析ツール、インターネットを介したランのモニター、そして安全性の高いデータ保存ソリューションを提供します。一連のデータ解析ツール、そして日々増加するサードパーティーのBaseSpaceアプリは、研究者独自のインフォマティクス解析を可能にします。また、BaseSpaceは、他の研究者とのデータ共有も迅速かつ簡単に実行可能です（詳しい情報はwww.illumina.com/basespaceを参照）。

最速のランタイム

数日ではなく数時間で結果を出すために、迅速なサンプル調製とMiSeqの組み合わせは、デスクトップ型次世代シーケンサーの中でも最もシンプルで迅速なワークフローをもたらします（図2）。Nexteraを用いた90分で終了するシーケンスライブラリー調製の後には、MiSeqシステムでクローナル増幅、およびシーケンス反応を最短4時間でを行います。クオリティ値と共に算出されるベースコールからアライメントおよび変異コールまで、一連のデータ解析はMiSeqシステム内蔵コンピューターで行われ、わずか3時間で終了します。

図1： MiSeqシステム

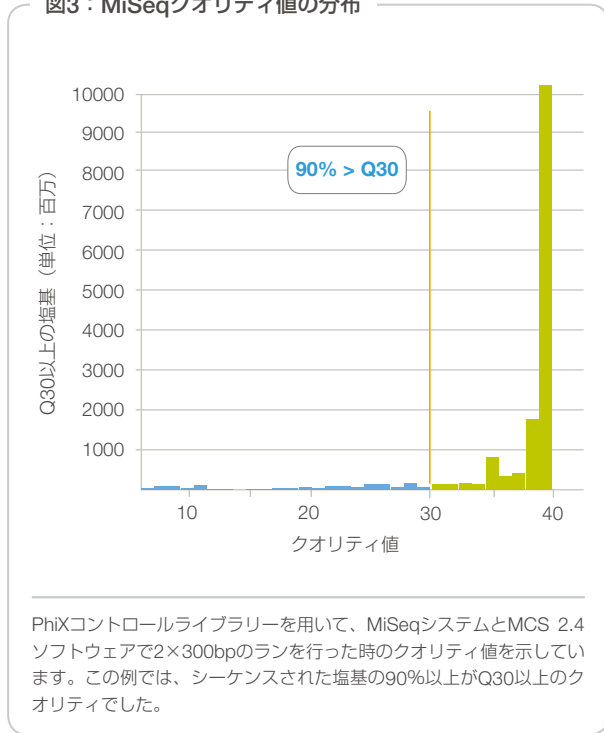


迅速で低コストシーケンスを可能にしたコンパクトなMiSeqシステムは、理想的なデスクトップ型次世代シーケンサーです。

図2: MiSeqのワークフロー



図3: MiSeqクオリティ値の分布



主要アプリケーションへの最適化

次々と増えるシーケンスアプリケーションを探索しましょう。迅速なランタイムとシンプルなワークフローにより、MiSeqはキャピラリーシーケンスの代用として、コスト効率よくクローン確認、アンプリコンシーケンス、ターゲットトランスクリプトシーケンスにお使いいただけます。最適化された解析は、小さい生物種のリシーケンスや*de novo*シーケンス、small RNAシーケンス、ライブラリーQCや16Sメタゲノム解析、高度なマルチプレックスのTruSeqカスタムアンプリコンやTruSeqカスタム濃縮など多岐にわたります。調整可能なリード長、フローセルの選択、そしてシングルとペアエンドリード手法は、研究者の多様な実験ニーズに合致したデータ量を柔軟にもたらしめます。

MiSeqシステム仕様

装置の構成

- RFIDトラッキング機能付きの消耗品
- MiSeqコントロールソフトウェア
- MiSeqレポーターソフトウェア

装置コントロールコンピューター (内蔵)

- ベースユニット: Intel Core i7-2710QE 2.10 GHz CPU
- メモリー: 16GB RAM
- ハードドライブ: 750GB
- オペレーションシステム: Windows 7標準

注意: コンピューターの仕様は定期的に変更されます。現在の構成についてはお問い合わせください。

動作環境

- 温度: 22°C ±3°C
- 湿度: 20-80%、結露なきこと
- 高度: 2,000m (6,500ft) 以下
- 空気質: 汚染度評価 II
- 換気: 最大1,364BTU/時
- 屋内で使用のこと

発光ダイオード

- 530nm, 660nm

寸法

- 幅×奥行き×高さ: 68.6cm×56.5cm×52.3cm
- 重量: 57.2kg

所要電源

- 100-240V AC @ 50/60Hz, 10A, 400W

無線自動式別装置 (RFID)

- 周波数: 13.56MHz
- 電源: 100mW

装置安全性および準拠

- NRTL認証 IEC 61010-1
- CEマーク
- FCC/IC認証

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22 階

Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810

jp.illumina.com

 www.facebook.com/illuminakk

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件 : jp.illumina.com/tc

© 2018 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc または各所有者に帰属します。
商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.html をご覧ください。
予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

Pub. No. 770-2011-J001 07MAY2018



AGAAATGATAACAGTAACACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATT
TCAACGTACCGTAACGAAACGTATCATTAAGATTACTTGTCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATT
CGAAGAAAGAATGATAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATT
AAAGCTACCATTAAGAGCTACCGTCAACAGTAACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATT
AGAAATGATAACAGTAACACACACTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATT
GATTACTTGTCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATT
CGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATTCAACGTACCGTAACGAAACGTATCAATTGAGACTAAATATTAACGTACCATTAAAGAGCTACCGTCTTCTGTTAACCTTAAGATTACTTGTCCACTGATT