

MiniSeqTM - Sequenzier- system

Leistungsstarke Illumina-
Sequenzierung in einem
anwenderfreundlichen
Gerät für die Forschung

- Kostengünstig in der Anschaffung und im Betrieb, selbst bei niedrigen Probenzahlen
- Automatische Bibliothek-zu-Ergebnisse-Lösung mit Datenanalyse im Gerät
- Hochgradig flexibel für den einfachen Wechsel zwischen DNA- und RNA-Sequenzierungsanwendungen.

illumina[®]

Einleitung

Das MiniSeq-System ([Abbildung 1](#)) ist ein kompakter, leistungsstarker und kostengünstiger Tischsequenzierer, der die Qualität und Zuverlässigkeit der Illumina-Technologie für die Sequenzierung der nächsten Generation (Next-Generation Sequencing, NGS) bietet. Dieses kleine, zuverlässige System macht eine breite Palette an NGS-Verfahren in erschwinglicher und anwenderfreundlicher Form für die Forschung verfügbar. Mit dem MiniSeq-System müssen Forscher nicht mehr warten, bis ausreichend Proben für die Sequenzierung auf einem Gerät mit hohem Durchsatz zur Verfügung stehen, sondern können Proben bedarfsabhängig sequenzieren. Die bei Sanger-Sequenzierung und qPCR erforderlichen iterativen, zeitaufwendigen Tests entfallen, wodurch das System die Untersuchung von einzelnen Genen bis hin zu kompletten Pathways mit vollständiger Gen-Coverage ermöglicht. Labore jeder Größe können eine Reihe von Sequenzierungsverfahren durchführen, um Ergebnisse bereitzustellen und ihre Forschung voranzubringen.



Abbildung 1: Das MiniSeq-System: Durch die Nutzung von Fortschritten auf dem Gebiet der SBS-Chemie und einfachen, optimierten Workflows bietet das MiniSeq-System eine leistungsstarke und anwenderfreundliche Bibliothek-zu-Ergebnisse-Lösung.

Leistungsstarke Sequenzierung leicht gemacht

Mit einem einfachen, integrierten Bibliothek-zu-Ergebnisse-Workflow ermöglicht das MiniSeq-System die Sequenzierung von DNA und RNA bei minimalem manuellem Aufwand ([Abbildung 2](#)). Das System eignet sich bestens für zielgerichtete Forschungsanwendungen wie beispielsweise die Sequenzierung von Krebsproben oder das Genexpressions-Profilieren. Dank einer Datenanalyse im Gerät über eine einfache, intuitive Touchscreenoberfläche sind weder Spezialgeräte noch Kenntnisse auf dem Gebiet der Bioinformatik erforderlich. Forscher erhalten jederzeit Unterstützung durch die Wissenschaftler von Illumina und können sich daher voll und ganz auf ihre Arbeit konzentrieren.

Optimierter Sequenzierungsworkflow

Das MiniSeq-System bietet eine intuitive Benutzeroberfläche sowie einen Load-and-go-Betrieb, wodurch es besonders anwenderfreundlich ist. Das System vereint die klonale Amplifikation, die Sequenzierung und die Datenanalyse in einem Gerät. Der Erwerb und der Betrieb weiterer Spezialgeräte sind somit nicht erforderlich. Nach der Bibliotheksvorbereitung mit einem einfachen, optimierten Illumina-Bibliotheksvorbereitungskit werden die Bibliotheken in das MiniSeq-System geladen,

in dem die Sequenzierung automatisch erfolgt. Für das Laden des MiniSeq-Systems und die Konfiguration eines Laufs sind weniger als 5 Minuten erforderlich. Läufe werden in weniger als einem Tag abgeschlossen und die Datenanalyse erfolgt im Gerät oder in BaseSpace™ Sequence Hub, der Genomik-Computing-Umgebung von Illumina. Für die einfache Informatikanalyse stehen Forschern eine Suite mit Datenanalysetools sowie eine wachsende Zahl an BaseSpace-Anwendungen (Apps) von Drittanbietern zur Verfügung.

Mit branchenführender SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese) von Illumina und üblichen Dateiformaten bietet das MiniSeq-System Benutzern Zugang zu einem breiten Spektrum an etablierten Protokollen, Workflows, Datensets und Datenanalysetools.

Unterstützt ein breites Anwendungsspektrum

Das MiniSeq-System vereint branchenführende NGS-Technologie von Illumina und eine breite Palette an Bibliotheksvorbereitungs- und Datenanalysetools zu leistungsstarken NGS-Tools mit einfacher, intuitiver Benutzeroberfläche. Es ist flexibel für unterschiedliche Verfahren einsetzbar und ermöglicht den einfachen Wechsel zwischen Sequenzierungsprojekten sowohl für DNA- als auch für RNA-Anwendungen. Bewährte und optimierte Workflows sind für die Untersuchung kleiner RNA, die zielgerichtete Resequenzierung, die zielgerichtete RNA-Sequenzierung und das Profiling solider und hämatologischer Tumoren verfügbar ([Tabelle 1](#)).

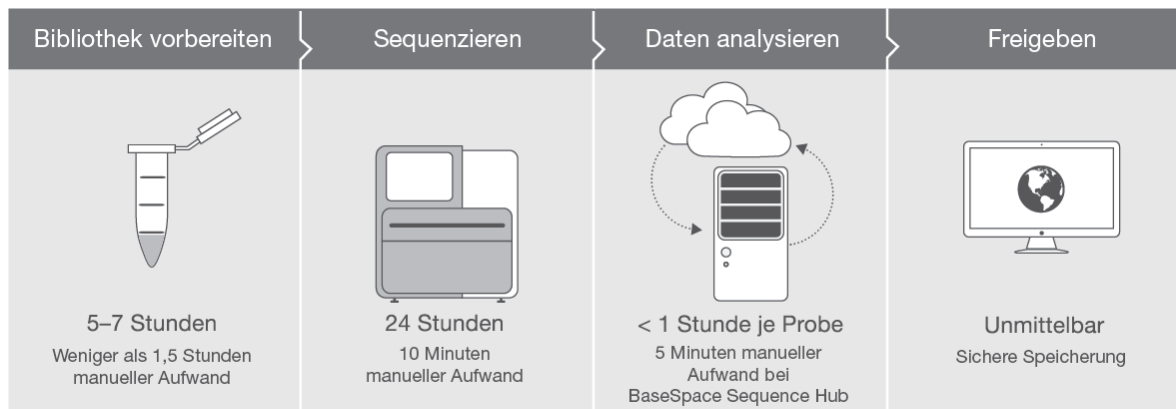


Abbildung 2: Sequenzierungs-Workflow des MiniSeq-Systems: Das MiniSeq-System bietet einen einfachen, integrierten Workflow, von der Bibliotheksvorbereitung bis hin zur Datenanalyse. Die Workflowzeiten variieren je nach Versuch und Assay-Typ. Die Angaben in der Abbildung beziehen sich auf einen Sequenzierungslauf mit der AmpliSeq™ for Illumina-Sequenzierungslösung und eine Read-Länge von 2 × 150 bp.

Tabelle 1: Flexibilität für zahlreiche Anwendungen

Anwendung	Reagenzien-Kit mit hoher Leistung		Reagenzien-Kit mit mittlerer Leistung	
	Anzahl der Proben	Laufzeit ^a	Anzahl der Proben	Laufzeit
Gezielte DNA-Amplikonsequenzierung 207 Amplikons 500-fache Coverage 2 × 150 bp	96	24 Stunden	32	17 Stunden
Gezieltes Expressions-Profilung 65 Ziele 1 × 50 bp	384	7 Stunden	123	6 Stunden
Anreicherungs-Panel 1-Mb-Region 100-fache Coverage 2 × 75 bp	23	13 Stunden	7	12 Stunden
Panel für virale Pathogene 1 Mio. Reads/Probe 1 × 100 bp (Rapid Kit)	20	< 5 Stunden	n. z. ^b	n. z. ^b
microRNA-Sequenzierung 5 Mio. Reads/Probe 1 × 36 bp	5	4 Stunden	2	4 Stunden
Sequenzierung kleiner Gesamtgenome 5-Mb-Genom 30-fache Coverage 2 × 150 bp	50	24 Stunden	16	17 Stunden

a. Laufzeiten ohne Indizes
b. n. z.: nicht zutreffend

Mit dem MiniSeq-System lassen sich zahlreiche Sequenzierungsverfahren in weniger als einem Tag durchführen. Die Ausgabeleistung des Systems ermöglicht Forschern die Sequenzierung einer breiten Palette an Proben pro Lauf:

- 1–96 Proben für zielgerichtete Panels
- 1–384 Proben für Genexpressions-Profilings
- 1–12 Proben für das Profiling kleiner RNA (miRNA)
- 1–20 Proben für die Anreicherung viraler pathogener RNA

Das MiniSeq-System wird von der vollständigen Suite der Illumina-Bibliotheksvorbereitungslösungen unterstützt und bietet Bibliothekskompatibilität über das gesamte Illumina-Sequenzierungsportfolio hinweg. Dadurch können Forscher ihre Studien einfacher auf den höheren Durchsatz der Sequenziersysteme der NextSeq™-Serie ausweiten oder Nachfolgestudien auf den Sequenziersystemen der MiSeq™-Serie durchführen.

Hohe Genauigkeit dank branchenführender SBS-Chemie

Das Herzstück des MiniSeq-Systems ist die branchenführende SBS-Chemie von Illumina, die weltweit am häufigsten eingesetzte NGS-Technologie.¹ Dieses proprietäre Verfahren auf Basis reversibler Terminatoren ermöglicht die massiv-parallele Sequenzierung von Millionen von DNA-Fragmenten, bei der einzelne Basen während der Integration

in wachsende DNA-Stränge erkannt werden. Diese Methode reduziert deutlich Fehler und verpasste Calls in Verbindung mit Abfolgen wiederholter Nukleotide (Homopolymere). Die geringen Kosten pro Base ermöglichen eine tiefere Sequenzierung und damit eine größere Sensitivität und Genauigkeit (Tabelle 2).

Datenanalyse per Tastendruck und optimierte Bioinformatik

Beim MiniSeq-System erfolgt die Datenanalyse über eine intuitive Benutzeroberfläche im Gerät. Der Gerätecomputer verarbeitet die während des Sequenzierens generierten Base-Calls und Qualitäts-Scores. Forschern stehen für die Datenanalyse verschiedene Optionen zur Verfügung.

Die Local Run Manager-Software ist eine multifunktionale, geräteinterne Lösung. Mithilfe von Local Run Manager können Benutzer nicht nur einen Sequenzierlauf erstellen, den Status überwachen und Ergebnisse anzeigen, sondern auch Daten analysieren. Der Zugriff erfolgt einfach über einen Webbrowser und die Software lässt sich in die Gerätesteuerungssoftware integrieren. Zu sequenzierende Proben und Analyseeingabedateien werden erfasst und die Datenanalyse im Gerät wird nach Abschluss des Sequenzierens automatisch durchgeführt. Abhängig von dem vom Benutzer angegebenen Analyseworkflow umfasst die Ausgabe für jede Probe Alignmentinformationen, strukturelle Varianten, Expressionsanalyse, Analyse kleiner RNA und mehr.

Tabelle 2: Leistungsparameter des MiniSeq-Systems

Fließzellenkonfiguration ^a	Read-Länge (Zyklen)	Leistung (Gb)	Laufzeit ^b	Datenqualität ^c
Kit mit hoher Leistung Bis zu 25 Mio. Single-Reads Bis zu 50 Mio. Paired-End-Reads	300	ca. 7,5	ca. 24 Stunden	Q30 > 80 %
	150	ca. 4	ca. 13 Stunden	Q30 > 85 %
	75	ca. 2	ca. 7 Stunden	Q30 > 85 %
Schnelllauf-Kit Bis zu 20 Mio. Single-Reads	100	ca. 2	< 5 Stunden	Q30 > 85 %
Kit mit mittlerer Leistung Bis zu 8 Mio. Single-Reads Bis zu 16 Mio. Paired-End-Reads	300	ca. 2,5	ca. 17 Stunden	Q30 > 80 %

- Die tatsächlichen Leistungsparameter können je nach Probentyp, Probenqualität und Cluster nach Filterung variieren.
- Zeiten einschließlich Clusterbildung, Sequenzierung und Base-Calling mit Qualitäts-Scores in einem MiniSeq-System.
- Der Prozentsatz der Basen > Q30 wird über den gesamten Lauf gemittelt.

Außerdem können Sequenzierungsdaten mit zahlreichen Open-Source- oder kommerziellen Verfahren, die für Illumina-Daten entwickelt wurden, verarbeitet oder mithilfe von BaseSpace Sequence Hub sofort übertragen, analysiert, archiviert und sicher weitergegeben werden. BaseSpace Sequence Hub ist eine Cloudplattform mit direkter Geräteintegration. Sie ermöglicht die direkte Übertragung automatisch verschlüsselter Daten vom Gerät zur Analyse, Speicherung und Freigabe sowie zu weiteren Datenmanagementaufgaben auf der Cloudplattform. Darüber hinaus können BaseSpace Sequence Hub-Benutzer den Status ihrer Läufe über das Cloudportal oder die [iOS-App für BaseSpace](#) überwachen.

Zusammenfassung

Das MiniSeq-System ist ein kleiner, robuster Tischsequenzierer, mit dem Labore weltweit NGS einfach einsetzen können. Das MiniSeq-System nutzt die Vorteile der SBS-Chemie und bietet einen Betrieb per Tastendruck sowie optimierte Bibliothek-zu-Ergebnisse-Workflows, mit denen Forscher gängige NGS-Anwendungen durchführen können. Dank des geringen Anschaffungspreises und des kostengünstigen Betriebs selbst bei einer geringen Anzahl von Proben steht die leistungsstarke und bewährte Illumina-Sequenzierung mit diesem Gerät noch mehr Laboren zur Verfügung.

Weitere Informationen

MiniSeq-System, illumina.com/systems/sequencing-platforms/miniseq.html

MiniSeq-System – Spezifikationen

Parameter	Spezifikation
Gerätekonfiguration	RFID-Tracking für Verbrauchsmaterialien
Gerätesteuere-computer (intern) ^a	Basiseinheit: Intel Core i7-4700EQ-CPU mit 2,4 GHz Speicher: 16 GB DDR3L-RAM Festplatte: 1 TB Betriebssystem: Windows 10 standardmäßig vorinstalliert
Betriebsbedingungen	Temperatur: 19 °C bis 25 °C (22 °C ± 3 °C) Luftfeuchtigkeit: 20–80 % relative Luftfeuchtigkeit (nicht kondensierend) Höhe: unter 2.000 m Luftqualität: Verschmutzungsgrad II, die Partikel pro Kubikmeter Luft dürfen die Grenzwerte der Klasse ISO 9 (normale Raumluft) nicht überschreiten. Belüftung: bis zu 2.048 BTU/h bei 600 W Nur für den Innengebrauch
Leuchtdiode (LED)	515 nm, 650 nm
Abmessungen	B × T × H: 45,6 cm × 48 cm × 51,8 cm Gewicht: 45 kg Bruttogewicht: 56,5 kg
Leistungsbedarf	100–120 Volt Wechselstrom, geerdete 15-A-Leitung 220–240 Volt Wechselstrom, geerdete 10-A-Leitung
RFID (Radio Frequency Identification)	Frequenz: 13,56 MHz Leistung: Versorgungsspannung 3,3 Volt Gleichstrom ± 5 %, Versorgungsstrom 120 mA, RF-Ausgangsleistung 200 mW
Produktsicherheit und Compliance	NRTL-Zertifizierung IEC 61010-1 CE-Kennzeichnung gemäß Niederspannungsrichtlinie 2006/95/EG FCC/IC-Zulassung

a. Änderungen der Computerspezifikationen vorbehalten

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
MiniSeq-Sequenziersystem	SY-420-1001
MiniSeq High Output Kit (75 Zyklen)	FC-420-1001
MiniSeq High Output Kit (150 Zyklen)	FC-420-1002
MiniSeq High Output Kit (300 Zyklen)	FC-420-1003
MiniSeq Rapid Kit (100 Zyklen)	20044338
MiniSeq Mid Output Kit (300 Zyklen)	FC-420-1004

Quellen

1. Archivierte Datenberechnungen. Illumina, Inc., 2017.



1.800.809.4566 (USA, gebührenfrei) | +1.858.202.4566 (Tel. außerhalb der USA)
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2021 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Eigentümer. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
M-NA-00006 DEU v1.0