

Illumina MiSeq 定序服務

簡 介	<p>Illumina MiSeq NGS 個人化次世代定序儀，可分析小通量 DNA 檢體且高度自動化，使操作流程簡易快速減少人力負擔。MiSeq 使用者能在一平台上以最快速方式大量進行樣品定序與分析，其中目前的 MiSeq V3 試劑提供快速的 cluster 生成與更短 SBS 週期時間與延長雙邊定序讀長至 600bp (2x300)，為 Illumina 全系列定序儀中讀長最長的機種，單次上機的定序數據產量可達 15Gb。因讀長及定序通量的選擇多樣性，搭配不同試劑套組使 MiSeq 能更廣泛的被應用於 16s metagenomics、小型基因體定序、標靶基因套組、癌症相關基因定序等實驗。上機只消放入 Flow Cell、PR2 試劑與 Cartridge 並輸入 Sample Sheet 即完成上機程序，相當便捷簡易。</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <thead> <tr> <th colspan="3">V2 Reagent</th> <th colspan="3">V3 Reagent</th> </tr> <tr> <th>Read Length</th> <th>Total Time</th> <th>Output</th> <th>Read Length</th> <th>Total Time</th> <th>Output</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1x36 bp</td> <td>~4 hrs</td> <td>540-610 Mb</td> <td>2x75 bp</td> <td>~2 hrs</td> <td>3.3-3.8 Gb</td> </tr> <tr> <td>2x25 bp</td> <td>~5.5 hrs</td> <td>750-850 Mb</td> <td>2x300 bp</td> <td>~56 hrs</td> <td>13.2-15 Gb</td> </tr> <tr> <td>2x150 bp</td> <td>~24 hrs</td> <td>4.5-5.1 Gb</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>2x250bp</td> <td>~39 hrs</td> <td>7.5-8.5 Gb</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> </tbody> </table> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <thead> <tr> <th colspan="4">Reads Passing Filter</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Single Reads</td> <td>12-15 M</td> <td>Single Reads</td> <td>22-25 M</td> </tr> <tr> <td>Paired-End Reads</td> <td>24-30 M</td> <td>Paired-End Reads</td> <td>44-50 M</td> </tr> </tbody> </table> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <thead> <tr> <th colspan="2">Quality Scores</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>> 90% bases higher than Q30 at 1 × 36 bp</td> <td>> 85% bases higher than Q30 at 2 × 75 bp</td> </tr> <tr> <td>> 90% bases higher than Q30 at 2 × 25 bp</td> <td></td> </tr> <tr> <td>> 80% bases higher than Q30 at 2 × 150 bp</td> <td>> 70% bases higher than Q30 at 2 × 300 bp</td> </tr> <tr> <td>> 75% bases higher than Q30 at 2 × 250 bp</td> <td></td> </tr> </tbody> </table>	V2 Reagent			V3 Reagent			Read Length	Total Time	Output	Read Length	Total Time	Output	1x36 bp	~4 hrs	540-610 Mb	2x75 bp	~2 hrs	3.3-3.8 Gb	2x25 bp	~5.5 hrs	750-850 Mb	2x300 bp	~56 hrs	13.2-15 Gb	2x150 bp	~24 hrs	4.5-5.1 Gb				2x250bp	~39 hrs	7.5-8.5 Gb				Reads Passing Filter				Single Reads	12-15 M	Single Reads	22-25 M	Paired-End Reads	24-30 M	Paired-End Reads	44-50 M	Quality Scores		> 90% bases higher than Q30 at 1 × 36 bp	> 85% bases higher than Q30 at 2 × 75 bp	> 90% bases higher than Q30 at 2 × 25 bp		> 80% bases higher than Q30 at 2 × 150 bp	> 70% bases higher than Q30 at 2 × 300 bp	> 75% bases higher than Q30 at 2 × 250 bp	
V2 Reagent			V3 Reagent																																																								
Read Length	Total Time	Output	Read Length	Total Time	Output																																																						
1x36 bp	~4 hrs	540-610 Mb	2x75 bp	~2 hrs	3.3-3.8 Gb																																																						
2x25 bp	~5.5 hrs	750-850 Mb	2x300 bp	~56 hrs	13.2-15 Gb																																																						
2x150 bp	~24 hrs	4.5-5.1 Gb																																																									
2x250bp	~39 hrs	7.5-8.5 Gb																																																									
Reads Passing Filter																																																											
Single Reads	12-15 M	Single Reads	22-25 M																																																								
Paired-End Reads	24-30 M	Paired-End Reads	44-50 M																																																								
Quality Scores																																																											
> 90% bases higher than Q30 at 1 × 36 bp	> 85% bases higher than Q30 at 2 × 75 bp																																																										
> 90% bases higher than Q30 at 2 × 25 bp																																																											
> 80% bases higher than Q30 at 2 × 150 bp	> 70% bases higher than Q30 at 2 × 300 bp																																																										
> 75% bases higher than Q30 at 2 × 250 bp																																																											
儀器設備	<ol style="list-style-type: none"> 廠牌及型別：Illumina MiSeq 主要功能原理： <ul style="list-style-type: none"> 驅動及分析原理: 專利螢光偵測及微流體技術 成像原理: 專利螢光標記核甘酸結合待測樣品，以可見光激發產生螢光訊透過影像系統偵測 影像系統: CCD感光耦合元件 																																																										
服務項目	<p>使用者自行製備的 DNA 樣本庫定序服務</p> <p>若使用本中心現有檢驗項目進行上機，將提供生物資訊分析報告</p>																																																										
開放時間	請逕洽檢驗醫學中心設備管理人員。																																																										
使用須知	<ol style="list-style-type: none"> 請於二週前(不含假日) 逕洽設備管理人員提出申請。 各儀器之設定嚴禁擅自更改，若擅自更改設定及不當使用，致使設備發生異常事項，應負賠償責任並禁用。 請自行購買試劑及相關耗材，完成反應後，再上機。 敬請參閱「精準基因檢测定序儀及相關貴重儀器使用注意事項」並確實遵守。 管理人員可依現有使用情況調整預約開放情況。 																																																										
注意事項	<ol style="list-style-type: none"> Illumina 定序應用種類多，樣品應依定序種類及 library 建構之需求,選擇合適套組。 樣品備製需經高度純化，且所需總量亦應定序種類之需求建議進行製備。 各儀器之使用者必須妥善規劃實驗程序並嚴格遵守本中心排程預約制度，若有任何問題請洽詢各儀器管理者。 定序完成後之數據資料存取，需在48小時內存取完成並立即刪除，本中心不代為保管數據。 取消預約使用，最晚應於預約前一天電話告知。 																																																										
管理人員	蕭念恩 04-2052121-1212-229																																																										
放置位置	中國附醫檢驗醫學中心(第一醫療大樓2樓)																																																										
廠商資料	均泰生物科技股份有限公司																																																										
相關資訊	【Illumina】MiSeq																																																										
	<p>【Illumina】MiSeq</p> <p>檢驗醫學中心之檢測項目：</p> <ul style="list-style-type: none"> 甲狀腺癌常見突變基因 人類白血球抗原高分辨型 腸道宏觀菌相篩檢 <div style="text-align: right;">  </div>																																																										