

新製品ウェビナー

MiniSeq™システムのご紹介

これまでにない、シンプルで、手が届く
シーケンスソリューション

イルミナ株式会社
プロダクトマーケティング部



© 2016 Illumina, Inc. All rights reserved.

Illumina, 24sure, BaseSpace, BeadArray, BlueFish, BlueFuse, BlueGnome, cBot, CSPPro, CytoChip, DesignStudio, Epicentre, ForenSeq, Genetic Energy, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, HiSeq X, Infinium, iScan, iSelect, MiniSeq, MiSeq, MiSeqDx, MiSeq FGx, NeoPrep, NextBio, Nextera, NextSeq, Powered by Illumina, SureMDA, TruGenome, TruSeq, TruSight, Understand Your Genome, UYG, VeraCode, verifi, VeriSeq, the pumpkin orange color, and the streaming bases design are trademarks of Illumina, Inc. and/or its affiliate(s) in the US and/or other countries. All other names, logos, and other trademarks are the property of their respective owners.

illumina®

概要

MiniSeq システム概要

MiniSeq アプリケーション

MiniSeq 選定ポイント





MiniSeq システム 概要

MiniSeqシステム

イルミナパワー、安心感、使いやすさ



導入しやすいパワフルなベンチトップシーケンサー

これまでにない、手が届くシーケンサー

本体価格

824万円



年間保守価格*

80万円

導入しやすくパワフルなベンチトップシーケンサー

*Illumina Product Care MiniSeq Basic Planの価格

コンパクトでも、パワフル

最大データ量

7.5 Gb

キャピラリーシーケンサー
75万台分のデータ量



リード長

150_{bp} x 2

高精度のアライメント
が可能なイルミナ
独自のペアエンド法

シーケンス時間

24時間以内

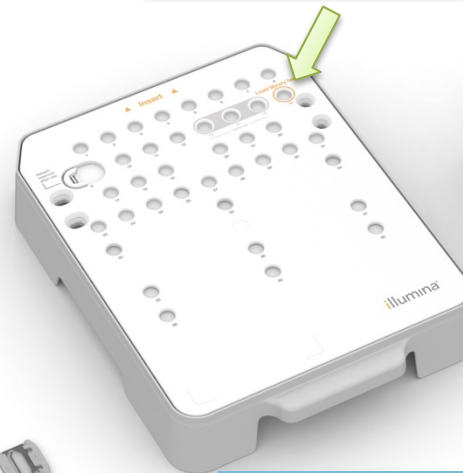
最新のSBSケミストリーにより精度とスピードアップを同時に実現

高品質なシーケンスデータを短時間で産出

簡単操作のオールインワンカードリッジ



ライブラリーを投入



廃液ボトル

試薬カードリッジ

フローセル

ライブラリーを試薬カードリッジ
に入れて本体にセットするだけ

煩雑な準備作業は不要、試薬の取り違えも防止

タッチパネル操作で、簡単セットアップ



操作はタッチパネルの画面の指示に従うだけ

タッチパネル操作で、セットアップは10分以内

目的に合わせて選べる試薬キット

高出力

7.5 Gb | ペアエンド150bp
5000万リード | 24時間

3.7 Gb | ペアエンド75bp
5000万リード | 13時間

2.0 Gb | シングル75bp
2500万リード | 7時間



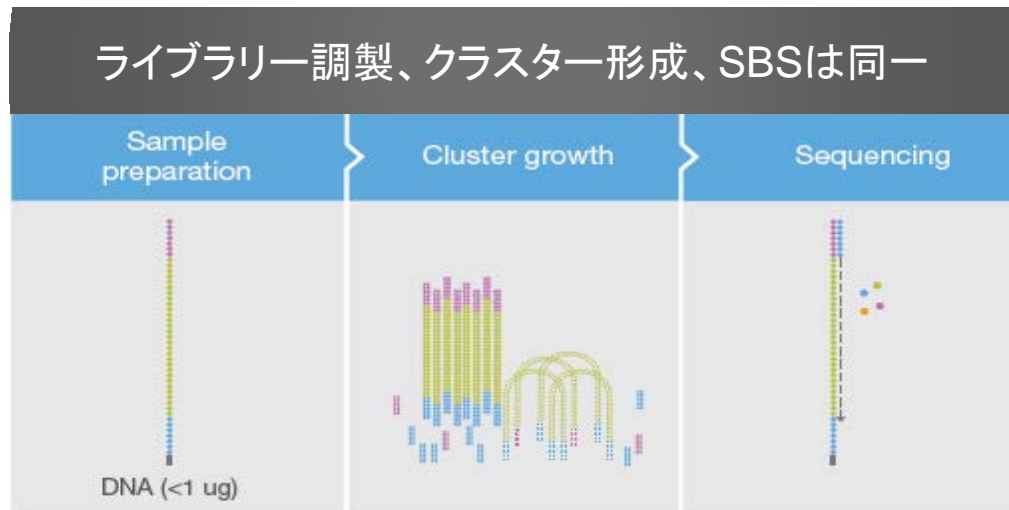
中出力

2.4 Gb | ペアエンド150bp
1600万リード | 17時間

サンプル数、アプリケーションに合わせて選択

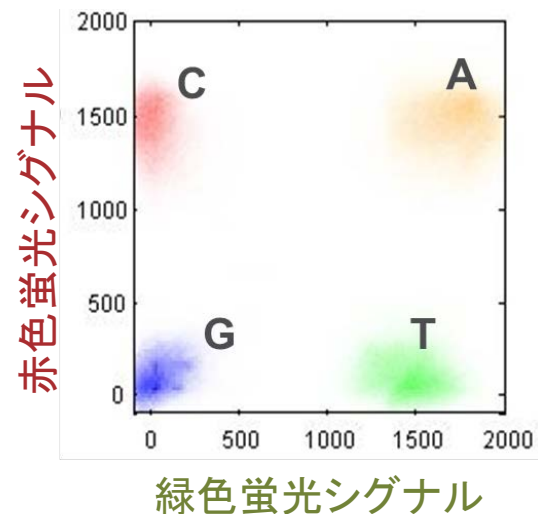
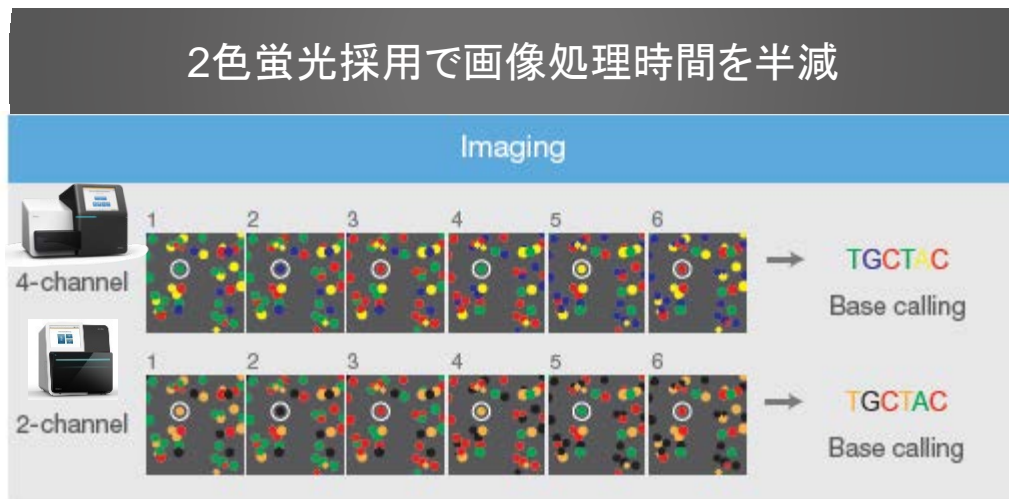
精度とスピードを両立させた最新のSBSケミストリー

2色蛍光イメージング

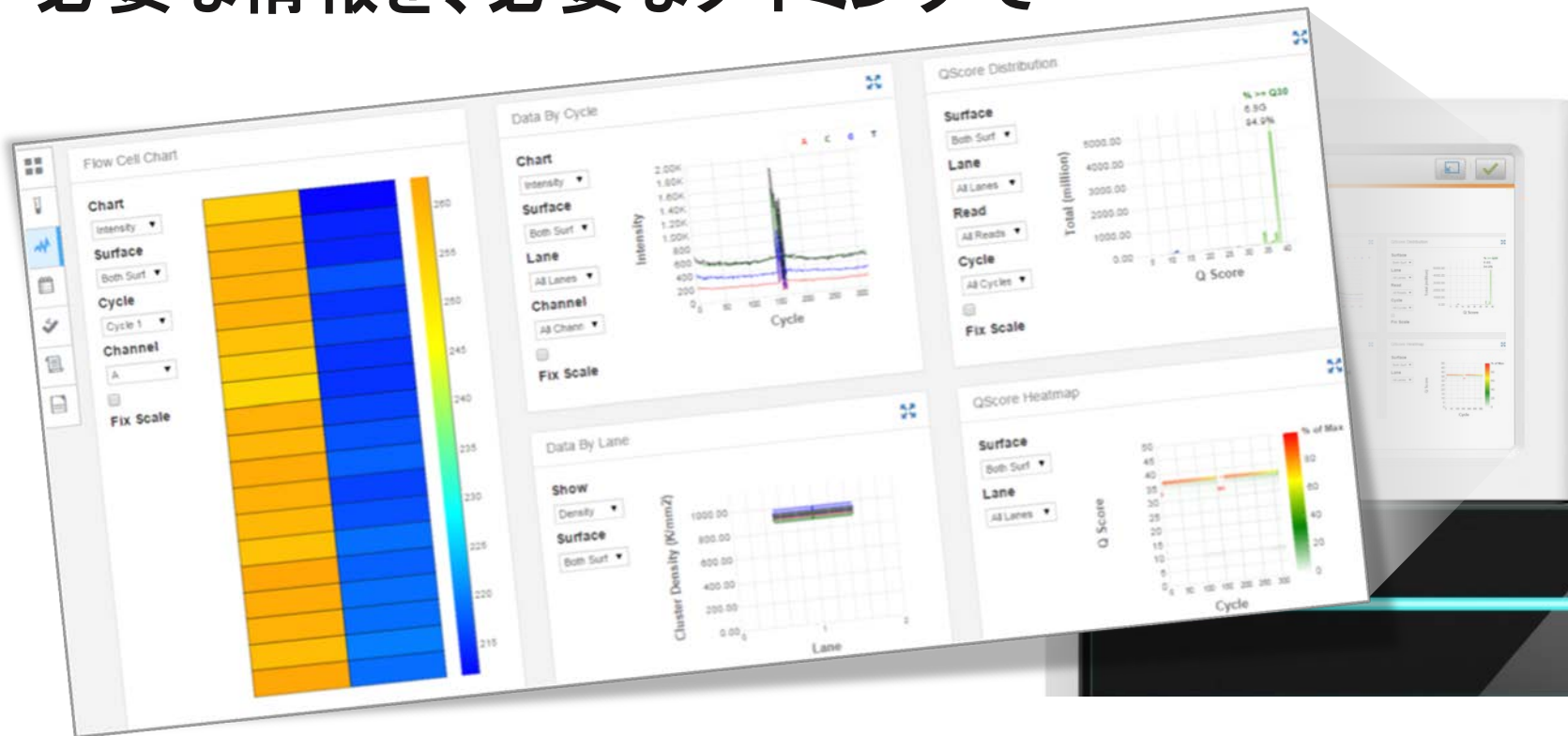


画像取得は、4枚から2枚へ

Cは赤、Tは緑、
Aは赤と緑の両方
Gな蛍光なし



必要な情報を、必要なタイミングで



シーケンス中

ランの状況をリアルタイムでモニタリング

シーケンス完了

ランのサマリーとQC結果をレポート

データ解析

アプリケーション合わせたデータ解析を実行、結果をレポート

モニタリングからデータ解析まで、タイムリーにナビゲート

様々なアプリケーションに対応



TruSeq Targeted RNA



Resequencing



TruSight Tumor 15



Custom Amplicon



Small RNA



Enrichment



Amplicon DS

アプリケーションソフトを搭載で、レポート形式で報告

BaseSpaceを活用すれば、さらに便利に

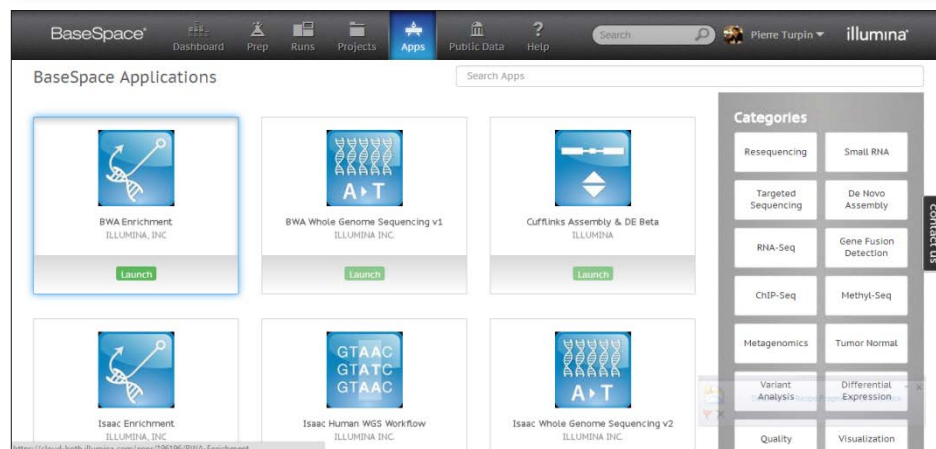
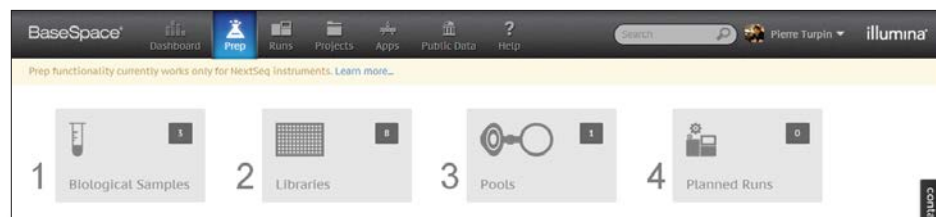


インターネット上のクラウドサーバーに
データをアップロードして解析



BaseSpace®
ONSITE

施設内にサーバーを設置。
PCのWebブラウザの画面から操作



定評のあるプログラムを多数搭載

幅広いアプリケーションに対応

シンプルな画面で簡単に操作

データの保管、解析、共有が、クラウドで自在に

データ解析が不慣れな方でも、大丈夫

サンプル

DNAまたはRNA



ライブラリー調製

最適化された高品質なライブラリー調製キットを提供



シーケンス

高品質なシーケンスデータを産出

結果

バリエーション情報
遺伝子発現情報



データ解析

最適化された条件でデータ解析を実行、結果レポートを作成

ライブラリー調製からデータ解析までを
トータルソリューションとして提供

MiniSeq 製品情報

システム	システム番号	希望販売価格
MiniSeq システム 1年間保証付 • クラスタ形成、シーケンス、解析コンピューター内蔵	LS-J-001	824万円
MiniSeq システム 3年間保証付 • クラスタ形成、シーケンス、解析コンピューター内蔵	LS-J-002	984万円

保守製品	カタログ番号	希望販売価格
Illumina Product Care MiniSeq Basic Plan	20004132	80万円
Illumina Product Care MiniSeq Comprehensive Plan	20004133	96万円
Illumina Product Care MiniSeq Advantage Plan	20004134	128万円

MiniSeq 製品情報

シーケンス試薬キット	カタログ番号	希望販売価格
MiniSeq High Output Kit (75 Cycles)	FC-420-1001	144,000円
MiniSeq High Output Kit (150 Cycles)	FC-420-1002	169,000円
MiniSeq High Output Kit (300 Cycles)	FC-420-1003	270,000円
MiniSeq Mid Output Kit (300 Cycles)	FC-420-1004	99,000円

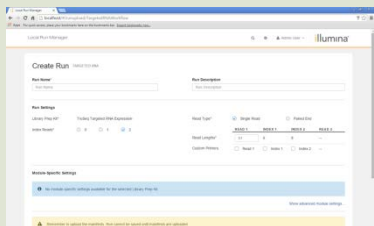
MiniSeqワークフロー紹介



ランのセットアップからデータ解析まで MiniSeqワークフロー

サンプルシートの作成

- Local Run Manager
- サンプル情報
- シーケンスのラン条件の入力



ランのセットアップ

- MiniSeq Control Software
- シーケンスランのセットアップ



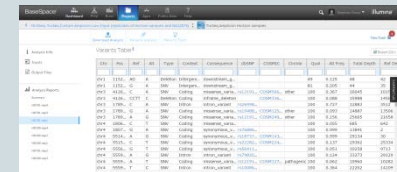
シーケンス

- MiniSeq Control Software
- シーケンス状況のモニタリング



データ解析

- BaseSpace
- アライメントと変異検出
- 検出した変異のアノテーション

A screenshot of the BaseSpace software interface showing a table of detected variants. The table has columns for 'Variant ID', 'Position', 'Reference', 'Alternate', 'Quality', 'Filter', 'Allele Frequency', 'Read Depth', and 'Variant Type'. The table contains several rows of variant data.

サンプルシートの作成



Local Run Manager

ランのセットアップ、データ解析、データの保管場所の設定

Local Run Manager

localhost/#/login

Apps For quick access, place your bookmarks here on the bookmarks bar. [Import bookmarks now...](#)

illumina

Local Run Manager

admin

.....

Login

[Forgot your user name or password?](#)

Instrument: MiniSeq ML-P2-14
Local Run Manager Version: 1.2.0

ユーザー名、パスワードを入力後ログインをクリック

サンプルシートの作成開始

The screenshot shows the Local Run Manager interface. At the top, there are statistics for run statuses: 0 Ready, 0 In Progress, 0 Stopped or Unsuccessful, 5 Complete, and 5 Total. A red callout box labeled "新規ランの開始" (Start New Run) points to the "Create Run" button. The dropdown menu for "Create Run" includes options: Amplicon DS, Amplicon, DNA Enrichment, GenerateFASTQ, Resequencing, Small RNA, and Targeted RNA. Below the statistics is a table of runs.

RUN NAME / ID	MODULE	STATUS	LAST MODIFIED
H00MWL_TargetedRNA_ELM4_Pool3 160111_ML-P2-14_0059_AH00MW...	TARGETED RNA	Analysis Completed	2016-01-11 21:12
H00G52_PoolT_TrusightTumor 160106_ML-P2-14_0056_AH00G5...	AMPLICON DS	Analysis Completed	2016-01-07 10:01
H00KNK_PoolT_TrusightTumor 160105_ML-P2-14_0055_AH00KN...	AMPLICON DS	Analysis Completed	2016-01-06 11:30
TruSeq_Amplicon_LowInput_Po... 151220_ML-P2-14_0051_ATruSe...	AMPLICON	Analysis Completed	2015-12-21 12:00
TruSight_Enrichment_PoolX 151216_ML-P2-14_0048_ATruSL...	DNA ENRICHMENT	Analysis Completed	2015-12-17 14:03

Showing 1-5 of 5 Active Runs

Instrument: MiniSeq ML-P2-14
Local Run Manager Version: 1.2.0

ラン名とラン条件を設定

Local Run Manager

localhost/#/runupload/TargetedRNAWorkflow

Local Run Manager

Admin User

illumina

Create Run TARGETED RNA

ラン名を入力

Run Name*

Run Name

ランの詳細情報

Run Description

Run Description

Run Settings

Library Prep Kit* TruSeq Targeted RNA Expression

Index Reads* 0 1 2

Read Type* Single Read Paired End

READ 1	INDEX 1	INDEX 2	READ 2
51	6	8	--

Read Lengths*

Custom Primers Read 1 Index 1 Index 2 --

シーケンスの条件を設定

Module-Specific Settings

下へスクロール

No module-specific settings available for the selected Library Prep Kit.

Show advanced module settings...

Remember to upload the manifests. Run cannot be saved until manifests are uploaded.

サンプル情報を入力

Local Run Manager

localhost/#/runupload/TargetedRNAWorkflow

Index Reads* 0 1 2

Read Lengths* 51 6 8 --

Custom Primers Read 1 Index 1 Index 2 --

Module-Specific Settings

No module-specific settings available for the selected Library Prep Kit.

Show advanced module settings...

Import Samples Import Manifests

Template Export

シーケンスするサンプル情報を入力

	SAMPLE ID*	SAMPLE NAME*	SAMPLE DESCRIPTION	INDEX 1 (I7)*	INDEX 2 (I5)*	MANIFEST*	GENE NORMALIZATION	
1	Library_1	Sample_A	A_biological_replicate	R701	A501	TruSeq CRT Manifest TC0028756-CRT.txt		✕
2	Library_2	Sample_A	A_biological_replicate	R702	A502	TruSeq CRT Manifest TC0028756-CRT.txt		✕
3	Library_3	Sample_B	B_biological_replicate	R703	A503	TruSeq CRT Manifest TC0028756-CRT.txt		✕
4	Library_4	Sample_B	B_biological_replicate	R704	A504	TruSeq CRT Manifest TC0028756-CRT.txt		✕

+ 3 Rows

Cancel

ラン条件を保存

Save Run

Instrument: MiniSeq ML-P2-14

ランのセットアップ



ML-P2-10

Welcome to MiniSeq

ランのセットアップを開始

Sequence

Manage instrument

Perform wash

ML-P2-10 | admin

Log In | **Select Run** | Load | Run Setup | Check | Sequence

Select a run from the list of runs from Local Run Manager. Select Next to show run details.

Search for Run Name

Targeted_RNA_160119

ラン条件を選択

Created by _____
Date _____

Read 1	Index 1	Index 2	Read 2
_____	_____	_____	_____

Run Description _____

Back | Exit | Next

ML-P2-10 | admin

Log In | **Select Run** | Load | Run Setup | Check | Sequence

Select a run from the list of runs from Local Run Manager. Select Next to show run details.

Search for Run Name

Targeted_RNA_160119

選択したラン条件

Created by	Admin User		
Date	1/13/2016		
Read 1	Index 1	Index 2	Read 2
51	6	8	0

Run Description


Back | Exit | **Next**

MiniSeq Control Software フローセルのセット

ML-P2-10 admin

Log In Select Run **Load** Run Setup Check Sequence

i Load the flow cell and reagent cartridge, and empty the spent reagents bottle. Select Next.



Flow Cell
000H00MY7
✓ Flow cell clamp
✓ Flow cell door

Reagent

✗ Reagent cartridge
✓ Spent reagents
✓ Reagent door

アニメに従って、フローセルを挿入

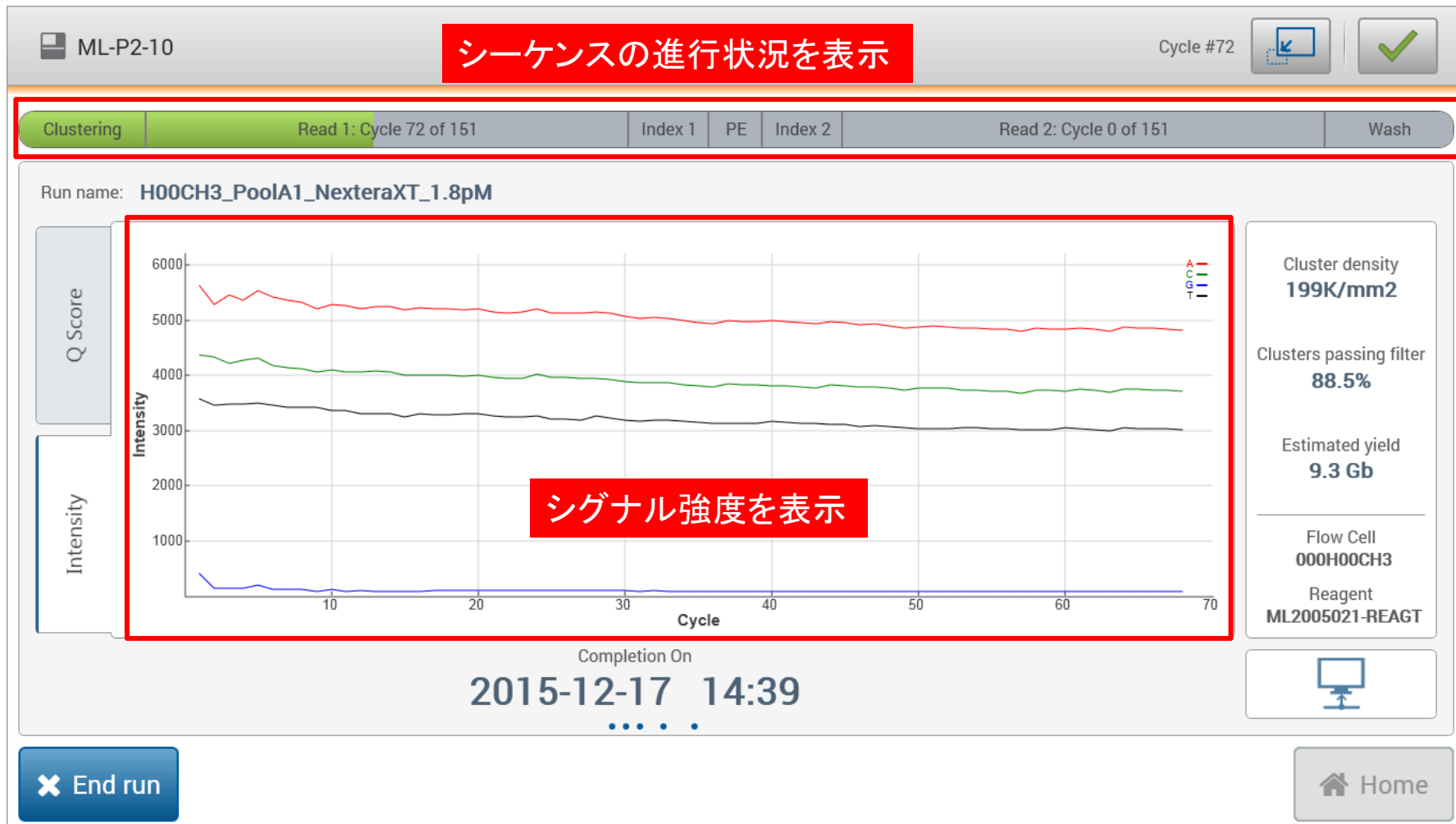
試薬のセットアップ状況

← Back × Exit Next →

シーケンス中のランの モニタリング



ラン中のシーケンス状況をモニタリング



MiniSeqアプリケーション



MiniSeq の統合されたソリューション

ライブラリー調製からデータ解析まで
MiniSeqシステム 1台で完結



BaseSpace[®]
or
Local Run Manager



TruSeq Amplicon

ライブラリー調製

シーケンス

データ解析

分子生物学

腫瘍学

MiniSeqのアプリケーション

分子生物学

変異検出

アンプリコンシーケンス

96サンプル* | 2日間

TruSeq Custom Amplicon Low Input

発現解析、パスウェイ解析

ターゲットRNA

384サンプル | 1.5日間

TruSeq Targeted RNA

small RNAシーケンス

5サンプル | 1.5日間

TruSeq Small RNA

腫瘍学

がん体細胞変異検出

アンプリコンシーケンス

8サンプル | 2日間

TruSight Tumor 15

融合遺伝子の検出、発現解析

ターゲットRNA

8サンプル | 4日間

TruSight RNA Pan-Cancer

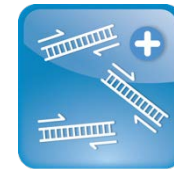
*200アンプリコンの場合

MiniSeq ワークフロー

TruSeq Custom Amplicon Low Input



BaseSpace[®]
or
Local Run Manager



TruSeq Amplicon

1日目

2日目

3日目

ライブラリー調製
6 時間

シーケンス
24 時間

データ解析
2 時間

The screenshot shows the BaseSpace TruSeq Amplicon interface. The top navigation bar includes 'Dashboard', 'Prep', 'Runs', 'Projects', 'Apps', 'Public Data', and 'Help'. The user is logged in as 'Stephen Gross'. The breadcrumb trail indicates the current location: 'MiniSeq: TruSeq Custom Amplicon Low Input (replicates of Horizon samples and NA12878) > TruSeq Amplicon Horizon samples'. Below the navigation bar are buttons for 'Download Analysis', 'Rename analysis', and 'Move to Trash', along with a 'View Trash' link. The left sidebar contains 'Analysis Info', 'Inputs', 'Output Files', and 'Analysis Reports'. The main content area is titled 'Aggregate Summary' and 'Amplicon Summary'. A large red box highlights a table of 'Read Level Statistics'.

ラン全体のサマリー

Sample	Sample Name	Total Aligned Reads (R1/R2)	Percent Aligned Reads (R1/R2)	Overall Aligned Reads
1	HD701-rep2	1,752,951 / 1,763,108	93.59% / 94.13%	93.86%
2	HD701-rep4	1,736,843 / 1,746,096	94.17% / 94.67%	94.42%
3	HD200-rep4	2,177,036 / 2,197,990	91.50% / 92.38%	91.94%
4	HD200-rep3	2,035,933 / 2,054,105	93.53% / 94.37%	93.95%
5	HD200-rep1	2,221,159 / 2,238,305	92.41% / 93.12%	92.77%
6	HD701-rep1	2,208,827 / 2,223,237	94.42% / 95.03%	94.72%
7	HD200-rep2	1,950,528 / 1,963,673	93.33% / 93.96%	93.65%
8	HD701-rep3	1,912,418 / 1,926,364	93.35% / 94.03%	93.69%

BaseSpace TruSeq Amplicon サンプルのサマリー

BaseSpace® Dashboard Prep Runs **Projects** Apps Public Data Help Stephen Gross illumina®

MiniSeq: TruSeq Custom Amplicon Low Input (replicates of Horizon samples and NA12878) : TruSeq Amplicon Horizon samples

Download Analysis Rename analysis Move to Trash View Trash

Analysis Info
Inputs
Output Files

Analysis Reports
Summary
HD701-rep4
HD701-rep3
HD701-rep1
HD200-rep4
HD200-rep2
HD200-rep1
HD701-rep2
HD200-rep3

Results for Sample HD701-rep1

PDF Summary Report

特定サンプルのサマリー

Amplicon Summary

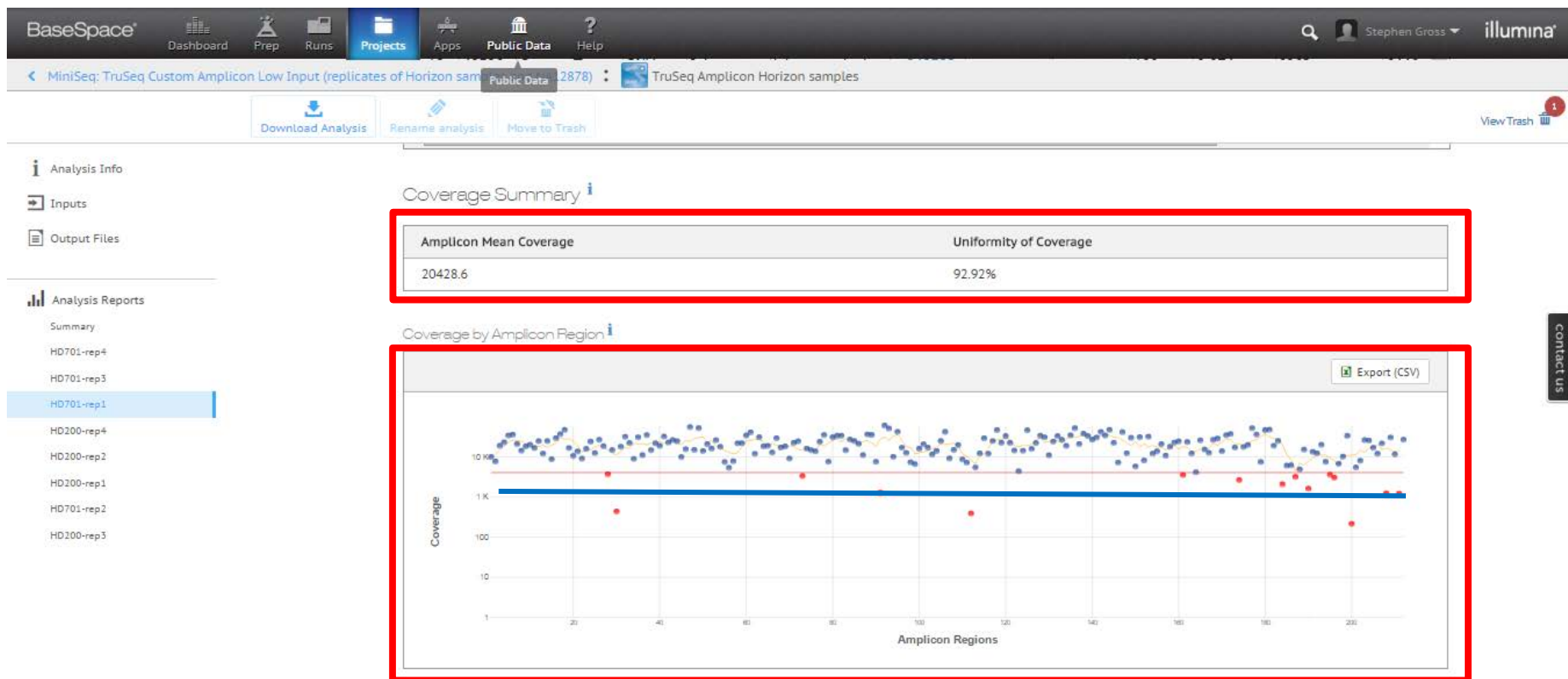
Number of Amplicon Regions	Total Length of Amplicon Regions
212	36,024 bp

Read Level Statistics

Read	Total Aligned Reads	Percent Aligned Reads
1	2,208,827	94.42%
2	2,223,237	95.03%

Base Level Statistics

下へスクロール



アンプリコンの平均カバレッジは20,000

平均カバレッジの20%以下のアンプリコンは赤で表示

1000カバレッジ以下のアンプリコンは3ヶ所

BaseSpace Dashboard Prep Runs **Projects** Apps Public Data Help Stephen Gross illumina

MiniSeq: TruSeq Custom Amplicon Low Input (replicates of Horizon samples and NA12878) : TruSeq Amplicon Horizon samples

Download Analysis Rename analysis Move to Trash View Trash

Analysis Info

Inputs

Output Files

Analysis Reports

- Summary
- HD701-rep4
- HD701-rep3
- HD701-rep1**
- HD200-rep4
- HD200-rep2
- HD200-rep1
- HD701-rep2
- HD200-rep3

Variants Table

Chr	Pos	Ref	Alt	Type	Context	Consequence	dbSNP	COSMIC	ClinVar	Qual	Alt Freq	Total Depth	Ref De
chr1	1152...	AG	A	Deletion	Intergeni...	downstream_g...				49	0.125	48	42
chr1	1152...	G	A	SNV	Intergeni...	downstream_g...				81	0.205	44	35
chr3	4126...	C	A	SNV	Coding	missense_varia...	rs12191...	COSM566...	other	100	0.367	16045	1019
chr3	4126...	CCTT	C	Deletion	Coding	inframe_deletion		COSM336...		100	0.088	15988	1458
chr3	1789...	C	A	SNV	Intron	intron_variant	rs26998...			100	0.727	12883	3512
chr3	1789...	G	A	SNV	Coding	missense_varia...	rs10488...	COSM125...	other	100	0.093	14887	1350
chr3	1789...	A	G	SNV	Coding	missense_varia...	rs12191...	COSM249...	other	100	0.156	25665	2165
chr4	1806...	C	T	SNV	Coding	missense_varia...				100	0.055	685	642
chr4	1807...	G	A	SNV	Coding	synonymous_v...	rs76886...			100	0.999	13841	2
chr4	5514...	A	G	SNV	Coding	synonymous_v...	rs18737...	COSM143...		100	0.999	29134	30
chr4	5515...	C	T	SNV	Coding	synonymous_v...	rs22282...	COSM224...		100	0.137	29362	2533
chr4	5556...	G	T	SNV	Coding	synonymous_v...	rs56411...			100	0.051	10258	9713
chr4	5559...	A	G	SNV	Intron	intron_variant	rs79820...			100	0.124	33273	2912
chr4	5559...	A	T	SNV	Coding	missense_varia...	rs12191...	COSM127...	pathogenic	100	0.062	10960	1028
chr4	5559...	T	C	SNV	Intron	intron_variant	rs10086...			100	0.364	22202	1410
chr4	5560...	C	G	SNV	Coding	synonymous_v...	rs27225...	COSM122...		100	0.977	9207	8445

検出したバリアントの位置、タイプ、
頻度等の詳細情報をレポート

MiniSeq 選定ポイント



全ての研究室とアプリケーションに対応したシステム

MiniSeq®



イルミナパワー、安心感、使いやすさ

MiSeq®



ターゲットシーケンスと小さいゲノム解析のためのスピードとシンプルさ

NextSeq®



すべてのゲノムに対応するスピードと使いやすさ

MiniSeq, MiSeq, NextSeq 3製品を比較



大規模ゲノム解析のための
パワーと効率性



全ゲノム解析のための最大
スループット

MiniSeqの優れたパフォーマンス



MiniSeqシステム



MiSeqシステム






NextSeqシステム

データ量	7.5Gb	15Gb	120Gb
ラン時間	7-24時間	5-55時間	11-29時間
最大リード数 (ペアエンド)	5000万リード	5000万リード	8億リード
最大リード長	150bp x 2	300bp x 2	150bp x 2
ケミストリー	2チャンネルSBS	4チャンネルSBS	2チャンネルSBS

MiSeq, NextSeqと比較して

ラン時間が短い。
最大リード数はMiSeqと同じ。
150bp x 2までのアプリケーションに最適。




MiniSeqの高いコストパフォーマンス

	 MiniSeqシステム	 MiSeqシステム	 NextSeqシステム
本体価格	824万円	1,650万円	4,160万円
保守価格	80万円	226万円	400万円
シーケンス試薬 キット価格	9.9-27万円	10.1-27.6万円	18.6-76.4万円
Gbあたりの単価	36,000円 (高出力 300cycle)	18,400円 (v3 600cycle)	6,366円 (高出力 300cycle)

MiSeq, NextSeqと比較して

本体価格、保守費用がリーズナブル
キット価格は、MiSeqとほぼ同じ。



MiniSeqはターゲットパネル製品に最適

	 MiniSeqシステム	 MiSeqシステム	 NextSeqシステム
TruSight Cancer 225 kb	80サンプル 3,380円	80サンプル 3,350円	96サンプル 3,100円
TruSeq Amplicon Cancer Panel 35 kb (212 amplicons)	80サンプル 3,380円	80サンプル 3,350円	96サンプル 3,100円
TruSeq Small RNA (500万リード)	5サンプル 30,000円	5サンプル 30,600円	48サンプル 5,190円
TruSeq Exome (8Gb)	0.5サンプル 338,000円	0.5サンプル 316,000円	7サンプル 68,200円
TruSeq mRNA (5000万リード)	1サンプル 169,000円	1サンプル 158,000円	16サンプル 29,900円

MiSeq, NextSeqと比較して

MiSeqと同等のコストかつサンプル数で実施可能。
Small RNAは、少サンプルで実施可能。

MiniSeqはターゲットDNA、RNAに最適

	 MiniSeqシステム	 MiSeqシステム	 NextSeqシステム
	ターゲットシーケンス向け	微生物ゲノム、菌叢解析向け	トランスクリプトーム、エクソーム向け
ターゲットDNA	●	●	●
ターゲットRNA	●	●	●
微生物全ゲノム		●	
16S菌叢解析		●	
トランスクリプトーム			●
エクソーム			●
全ゲノム			●

MiniSeq システム まとめ

導入しやすいパワフルなベンチトップシーケンサー



1000万円を切る導入しやすい価格

検証済みのワークフローを用意

わずか10分で完了するランセットアップ

精度とスピードを両立したSBS ケミストリー

ターゲットシーケンスに最適なシステム

ご静聴ありがとうございました。

