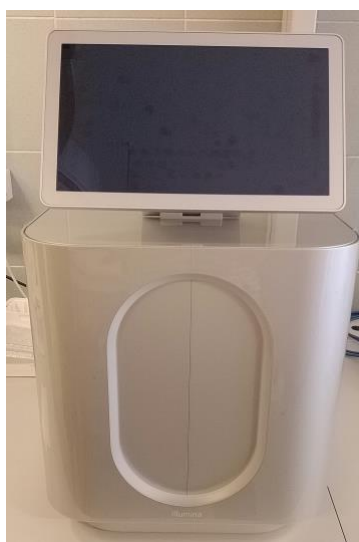




RISE

Infrastruttura Strategica della Ricerca
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI BARI ALDO MORO

Illumina MiSeq i100



Per informazioni rivolgersi al responsabile scientifico:

Prof. essa Anna Maria D'Erchia

annamaria.derchia@uniba.it

Polo Scientifico Tecnologico

Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Ambiente (DBBA)

Via Orabona 4, 70125 (BA)

ENG: Benchtop sequencer with the following characteristics:

- High productivity: up to at least 30 Gb and 100 million reads per run, with run times of less than 16 hours.
- Adjustable read lengths: selectable read lengths ranging from 50 to 300 bp, depending on experimental requirements.
- Interchangeable flow cells: the ability to select different flow cell formats and, consequently, different output levels, ranging from approximately 5 to 100 million reads, allowing costs to be optimized.
- High data quality: Q-score >30 for at least 90% of the sequenced bases.
- Broad range of applications: suitable for microbial and viral genomes, gene panels, 16S/ITS metabarcoding, Methyl-Seq, RNA-Seq, ChIP-Seq, chromatin studies, single-cell genomics/transcriptomics, metagenomics, and metatranscriptomics.
- Ready-to-use consumables: reagents can be stored at room temperature, with no need for thawing or prior preparation.
- Pre-configured cartridges: minimize manual operations and reduce the risk of errors during reagent loading.

- Simplified bioinformatics analysis: availability of cloud-based pipelines for NGS data processing, accessible even to users with limited bioinformatics experience.

ITA: Sequenziatore da banco avente le seguenti caratteristiche:

- Elevata produttività: fino ad almeno 30 Gb e 100 milioni di reads per corsa, con tempi inferiori a 16 ore.
- Reads modulabili: lunghezza selezionabile da 50 a 300 bp, in funzione delle esigenze sperimentali.
- Flow cell intercambiabili: possibilità di scegliere il formato di flow cell e quindi l'output, da circa 5 a 100 milioni di reads, ottimizzando i costi.
- Elevata qualità dei dati: Q-score >30 per almeno il 90% delle basi sequenziate.
- Ampio spettro applicativo: adatto a genomi microbici e virali, pannelli genici, 16S/ITS metabarcoding, Methyl-Seq, RNA-Seq, ChIP-Seq, studi della cromatina, single-cell genomics/transcriptomics, metagenomica e metatrascrittomica.
- Consumabili pronti all'uso: reagenti conservabili a temperatura ambiente, senza necessità di scongelamento o preparazione preliminare.
- Cartucce pre-configurate: riducono al minimo le operazioni manuali e il rischio di errori nel caricamento dei reagenti.
- Analisi bioinformatica semplificata: disponibilità di pipeline cloud per l'elaborazione dei dati NGS, accessibili anche a utenti con limitata esperienza bioinformatica.