

简单, 灵活 全力释放你的测序速度

基因测序仪 DNBSEQ-G99

CE CB CE ENE NMPA

- PE150≤12小时
- 内置双载片运行系统, 单/双载片独立运行
- 内置生信计算模块, 支持边测序边分析



深圳华大智造科技股份有限公司
深圳市盐田区北山工业区综合楼11栋
股票代码: 688114

官网: mgi-tech.com
邮箱: MGI-service@mgi-tech.com
电话: 4000-688-114



官方微信



官方网站

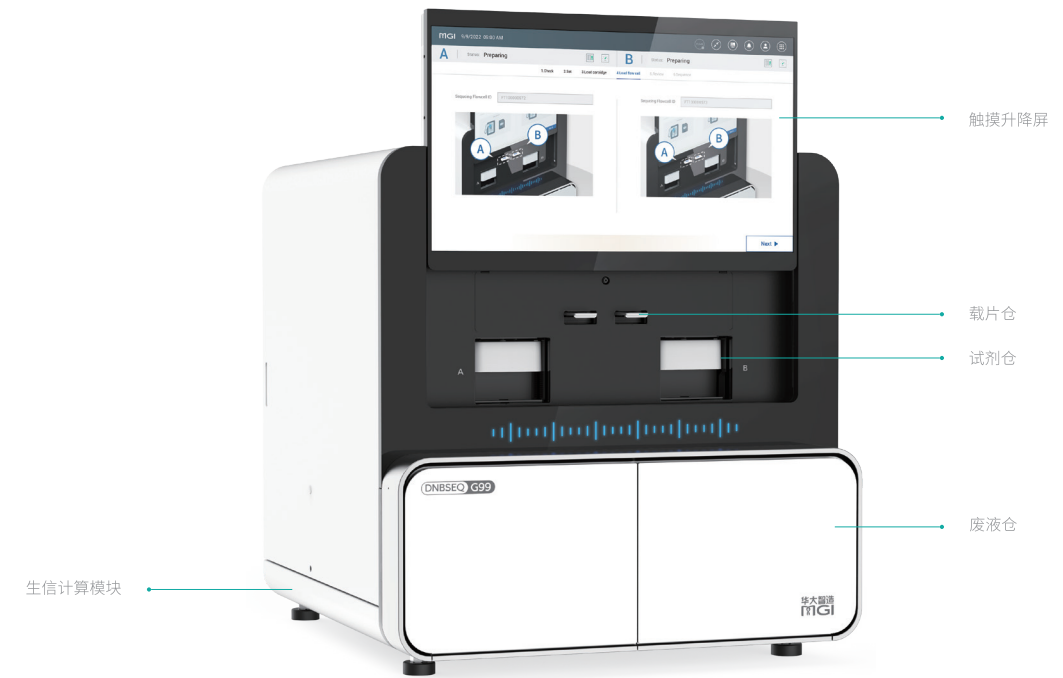
版本号: 2024年7月版 | MGPA0603001-01

版权声明

本手册版权属于深圳华大智造科技股份有限公司所有, 未经本公司书面许可, 任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册中的各项内容进行复制、拷贝、编辑或翻译为其他语言。本手册中所有商标或标识均属于深圳华大智造科技股份有限公司及其提供者所有。

华大智造 「DNBSEQ™」 核心技术

基因测序仪 DNBSEQ-G99



基于华大智造核心的DNBSEQ™测序技术，通过对生化、流体、光学、温控等核心系统的优化和提升，DNBSEQ-G99是目前全球中小通量测序仪中速度最快的机型之一，特别适用于小样本量的肿瘤靶向测序*、小型全基因组测序、低深度WGS测序、个体识别*、16s测序*等多种应用，例如24-48个样本的小Panel测序，或1-4个样本的WES测序。

同时，基于四色荧光技术，DNBSEQ-G99内置计算模块，实现测序生信一体化，数据产出高效且优质，测序操作简单易用，加速组学技术在全球科研项目 and 临床研究中的应用。

*仅供研究使用，不得用于诊断或治疗。

*仅供研究使用，不得用于诊断或治疗。

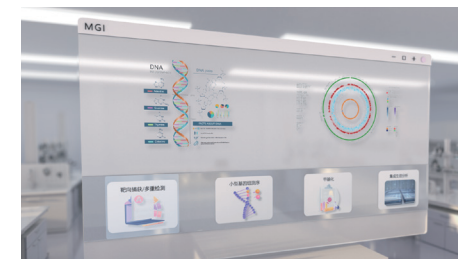
简单 与生俱来

作为中小通量机型中具备双载片平台的机型，DNBSEQ-G99灵活且高效：采用全新的试剂装置设计、卡片式测序载片设计和可视化操作流程，DNBSEQ-G99让测序实验人员拥有了更简单易用的工作流程，并提供行之有效的数据安全保护措施。



试剂预置, 一步按压

- 一步式操作, 一体化设计
- 创新预置设计, 实验效率获**2倍**提升



操作界面智能交互

- **全流程**动画指引, 轻松增效
- 操作流畅无比, 实时**可视化**



内置生信计算模块

- 特定应用, 自启动**高级分析**
- 支持**边测序边分析**



数据安全有保障

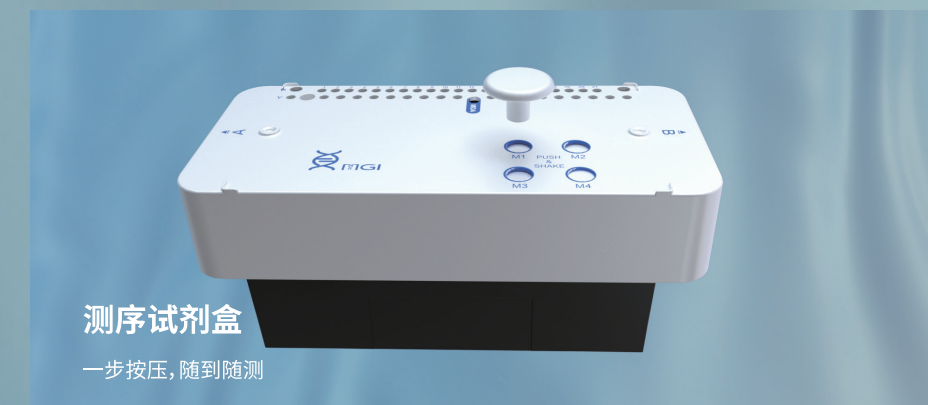
- 严格遵守隐私保护要求
- 提供专业的**数据网络安全**保护措施

灵活 掌控自如

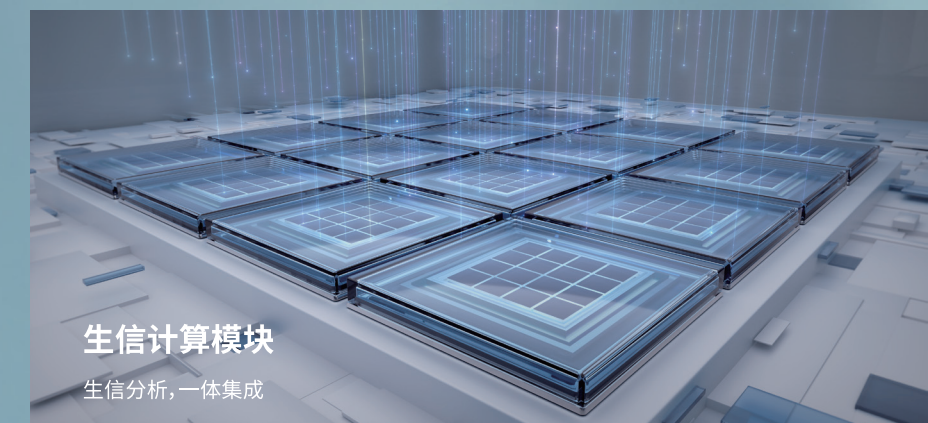
DNBSEQ-G99设置双载片、双模运行模式、双配置。且两边运行流程相互独立进行，实验人员可灵活根据样本数量，选择运行载片数量。目前DNBSEQ-G99支持单载片测序、双载片同时测序、双载片滚动上机测序，以及混合读长的双载片混动上机测序等多种测序模式。



测序载片
卡式载片，即插即用



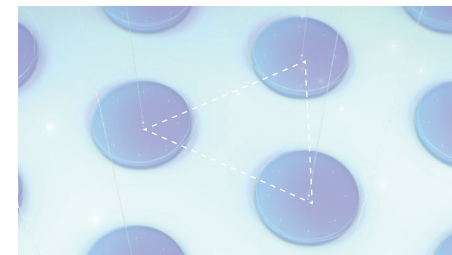
测序试剂盒
一步按压，随到随测



生信计算模块
生信分析，一体集成

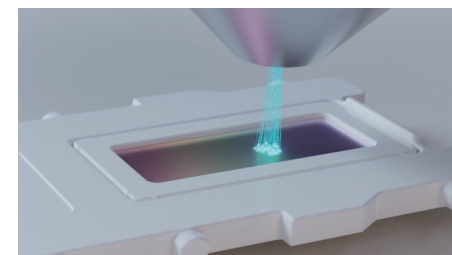
快速 脱颖而出

作为全球目前中小通量测序仪中速度最快的机型之一，DNBSEQ-G99对载片、生化、流体、光学、温控等核心系统进行了全面的优化，实现了对测序效率、质量、和交付能力极致的提升。



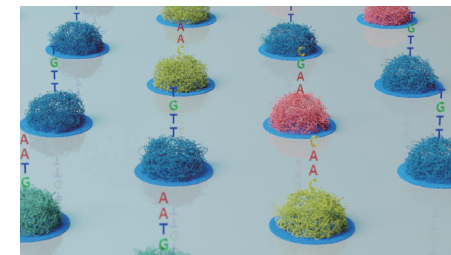
高密度载片

- 首次使用全新**三角形**矩阵信号排布
- DNB加载效率提升 **68%**



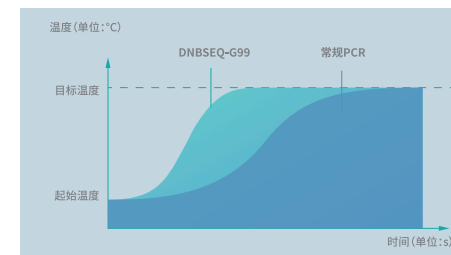
突破光学衍射极限

- 华大智造自研**超高分辨率**物镜
- 极致减少载片**扫描面积**



极速生化反应

- **10s** 极速荧光反应
- 生化孵育进程由分钟级跨入**秒级**



超快速温控系统

- **>7°C/s**升降温速率
- 超PCR升温速率 **2倍**

实力派测序仪

性能强劲

在追求速度的同时，DNBSEQ-G99保证极佳的数据质量。基于DNSBEQ-G99, 可快速展开多维度的测序应用，例如靶向测序、小型基因组、低深度WGS测序等。

此外，DNBSEQ-G99A支持多时点数据输出，最快可在测序开始后的2.5小时内获得第一批下机数据(测序读长:SE40)。

方法学	应用	推荐读长	数据量	样本数量/RUN
靶向捕获/ 多重检测*	伴随诊断 Onco panel	PE100, PE150	小panel:~1 Gb/样本	24/FC, 48/RUN
	遗传病诊断小panel (地贫、耳聋等)	PE150	耳聋:~5 Gb/样本 地贫:~0.2 M reads/样本	耳聋:4/FC, 8/RUN 地贫:400/FC, 800/RUN
	ATOPlex panel (呼吸道、新冠等)	PE100, PE150	呼吸道panel:5 M reads/样本 新冠panel:5 M reads/样本	16/FC, 32/RUN
	WES	PE150	15 Gb/样本	1-2/FC, 2-4/RUN
甲基化	Oncology 靶向甲基化	PE150	~5 Gb/样本	4/FC, 8/RUN
小型基因组测序	未知病原宏基因组	SE50, SE100	Meta:20 M reads/样本	4/FC, 8/RUN
	细菌、病毒WGS测序	PE100, PE150	单菌:~1 Gb/样本	16-24/FC, 32-48/RUN
	16s V3-V4测序	PE300*	≥0.1 M reads/样本	576/FC, 1152/RUN
低深度WGS测序	NIPT	SE50	NIPT/PGS:~10 M reads/样本	8/FC, 16/RUN
	PGS	SE50		
转录组测序	RNA-Seq	SE50, PE150	定量:~25 M reads/样本 转录组:~6 Gb/样本	定量:3/FC, 6/RUN 转录组:4/FC, 8/RUN
司法	个体识别	SE400*	~0.8M reads/样本	96/FC, 192/RUN

特别推荐

备注：
① 数据量推荐及样本数量仅做预估参考，具体数据量及样本数量需根据实际情况调整
*仅供研究使用，不得用于诊断或治疗

性能参数

单次运行 最大载片数	流道	最小有效reads数*／载片	支持读长†	数据量	Q30**	测序时间
2	1	80M	SE100, PE50	8~16G	>90%	5小时
			PE150	24~48G	>85%	12小时
			APP-C SE100	8-16G	>90%	5小时
			APP-C PE150	24~48G	>85%	12小时
			PE300***	48~96G	>85%	30小时
			SE400***	32-64G	>75%	20小时

* 有效 reads 数值根据特定标准文库运行所得，实际应用文库受样本类型、建库方式会有所波动。
** 高于 Q30 的碱基百分比及运行时间是特定标准文库通过整个运行平均所得，实际应用表现受样本类型、文库质量、插入片段长度等影响。
*** 仅供研究使用，不得用于诊断或治疗。
† 现有试剂盒支持SE50、PE100读长，同时仪器设有SE50、PE100测序模式。

配置选择



肿瘤应用 低频突变检测

实验方案

样 本： 肺癌ctDNA标准品, 按比例混合成1 %、0.5 %、0.2 %、0.1 %
突变ctDNA样本

建库方法： 某公司靶向捕获试剂盒

测试策略： PE100 双barcode测序, 测试4个run重复

测试目的： 测试平台的突变检出能力

测序总结

4个run平均产出126 M reads, Q30>93 %, 均一性优异。

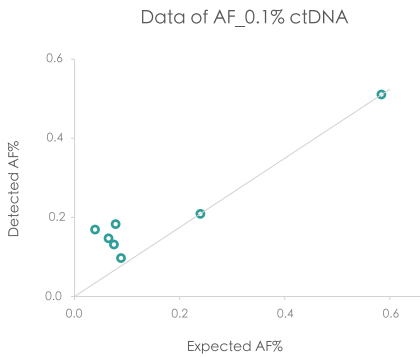
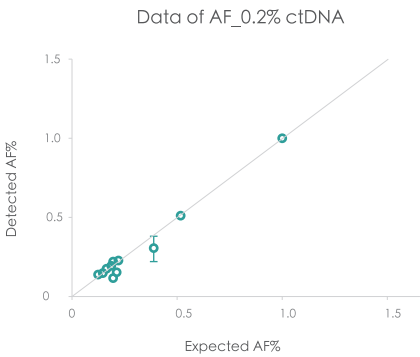
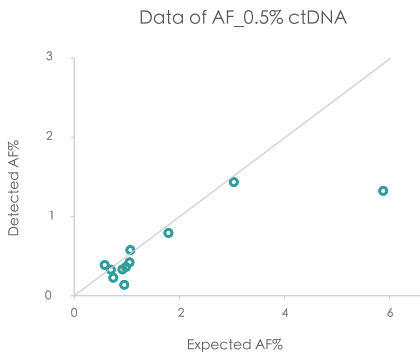
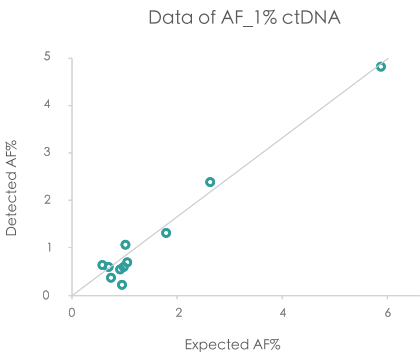
分析总结

- ctDNA样本 (1 %, 0.5 %, 0.2 %, 0.1 %) SNV位点100 %检出。

测序结果

	Total reads (M)	Q30	EstErr(%)	Time(h)
平均值	126.22	94.00	0.22	9.15
标准差	7.41	0.52	0.02	0.11

分析结果



肿瘤应用*

甲基化(靶向捕获)测序

*仅供科研使用,不得用于临床

实验方案

样 本: 4个细胞系打断的DNA

建库方法: 某公司双链建库试剂盒

测试策略: PE100 双barcode测序, 测试2个run重复

测试目的: 测试平台对碱基不平衡文库的兼容性, 评估样本在靶向区域的平均甲基化水平

测序总结

在未加平衡文库的情况下, 2 个 run 平均产出 101 M reads, Q30>86 %, 碱基不平衡兼容性较好, 且满足分析要求。

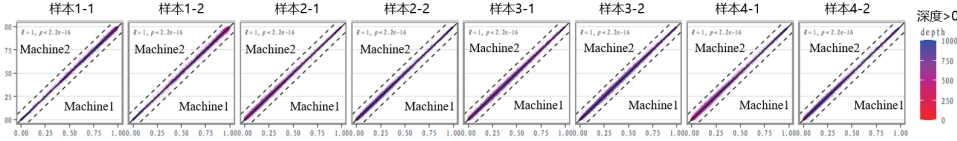
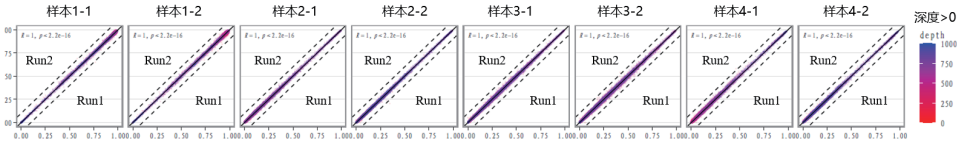
分析总结

- 相同样本, 同台仪器内不同2个run: 样本的靶向区域平均甲基化水平, 在不同run之间结果一致性高。
- 相同样本, 不同仪器间: 样本的靶向区域平均甲基化水平, 在不同仪器间结果一致性高。

测序结果

	Total reads (M)	Q30 (%)	SplitRate (%)	Time (h)
Run 1	103.12	86.42	98.36	9.20
Run 2	99.08	90.57	98.02	9.15

分析结果



小型基因组测序 未知病原体鉴定

实验方案

样 本: 4个1%混菌标准品混合文库
建库方法: MGIEasy 酶切DNA文库制备试剂套装
测试策略: PE100 单barcode测序
测试目的: 测试平台对未知病原体的鉴定能力

测序总结

下机产出 110 M reads, Q30>95 %, 远超分析所需数据量的要求。

分析总结

- 采用微生物快速识别 (PFI) 进行分析, 病原体鉴定结果与标准品中种类一致。
- 丰度波动CV低于2 %, 稳定性优异。

• 测序结果

	Total reads (M)	Q30 (%)	SplitRate (%)	Time (h)
下机结果	110.17	95.22	96.95	9

• 分析结果

物种	样本1	样本2	样本3	样本4	标准丰度	mean	SD	CV
肠沙门氏菌	15.87%	15.60%	15.72%	15.87%	12.00%	15.77%	0.13%	0.008
铜绿假单胞菌	14.12%	14.00%	13.83%	14.12%	12.00%	14.02%	0.14%	0.010
枯草芽胞杆菌	13.30%	13.14%	13.46%	13.30%	12.00%	13.30%	0.13%	0.010
大肠埃希氏杆菌	11.75%	12.32%	11.90%	11.75%	12.00%	11.93%	0.27%	0.023
粪肠球菌	11.13%	11.30%	11.24%	11.13%	12.00%	11.20%	0.08%	0.008
单核增生李斯特氏菌	11.12%	11.02%	11.12%	11.12%	12.00%	11.10%	0.05%	0.005
金黄色葡萄球菌	10.18%	10.23%	10.30%	10.18%	12.00%	10.22%	0.06%	0.006
发酵乳杆菌	9.52%	9.48%	9.46%	9.52%	12.00%	9.50%	0.03%	0.003
Cryptococcus neoformans	1.49%	1.49%	1.52%	1.49%	2.00%	1.50%	0.02%	0.010
酿酒酵母	1.47%	1.42%	1.45%	1.47%	2.00%	1.45%	0.02%	0.016

小型基因组测序 噬菌体组装

实验方案

样 本： 16个自培养单株噬菌体
建库方法： MGIEasy 通用DNA文库制备试剂套装
测试策略： PE150双barcode测序
测试目的： 测试平台对噬菌体组装的完整性

测序总结

下机产出 106 M reads, Q30>92 %,远超分析所需数据量的要求。

分析总结

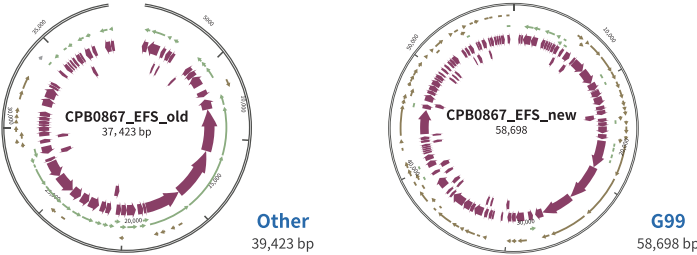
- 成功检出噬菌体三个保守蛋白Capsid、Portal、Termianse。
- 横向对比其他平台，DNBSEQ-G99组装完整度更高。

测序结果

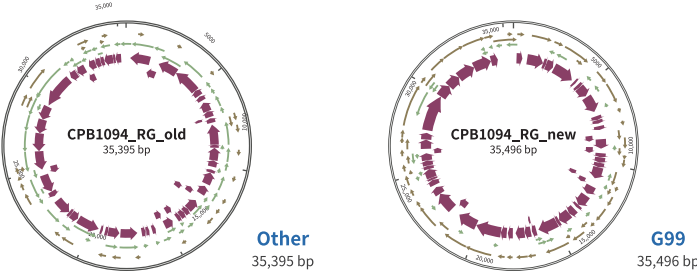
	Total reads (M)	Q30 (%)	SplitRate (%)	Time (h)
下机结果	106.99	92.32	97.97	12

分析结果

粪肠球菌噬菌体



瘤胃球菌噬菌体



小型基因组测序 16s测序*

实验方案

样 本： Zymobiomics D6305 标准品
建库方法： ATOPlex 16S&18S rDNA建库试剂套装
测试策略： PE300双barcode测序
测试目的： 评估平台对16s样本的数据质量

测序总结

4个run平均产出93.45 M reads, Q30>90 %, 数据质量优异, 满足生信分析需求。

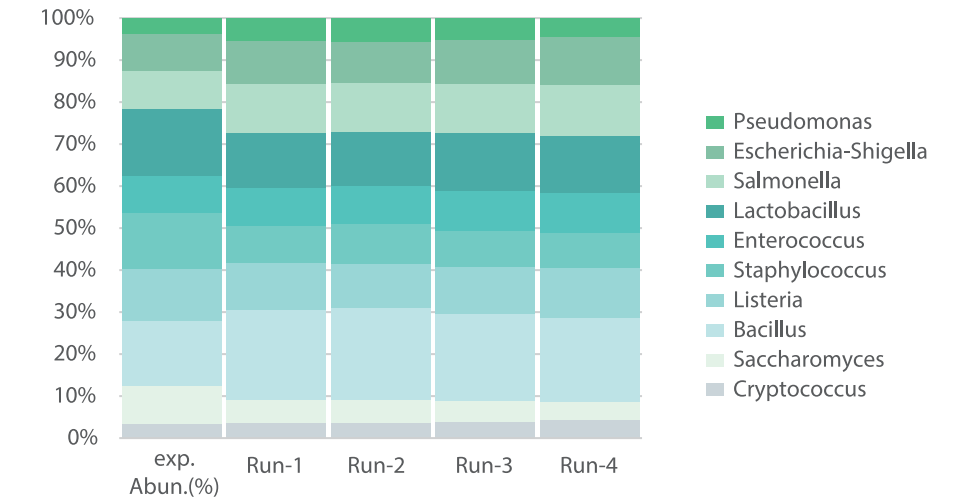
分析总结

- 对样本进行OTU分析, 计算并均一化属水平的丰度, 结果显示属水平的丰度与预期丰度高度一致。
- 同个样本, 平行测序文库间属水平丰度相关系数 $R^2>0.99$, 表明测试结果的一致性高。

测序结果

	Total reads (M)	Q30 (%)	SplitRate (%)
Run-1	89.89	89.93	96.28
Run-2	94.97	90.21	96.65
Run-3	99.68	90.2	96.8
Run-4	89.25	89.82	95.34
Average	93.45	90.04	96.27

分析结果



司法应用 个体识别文库测序*

实验方案

样本类型： MGI个体识别DNA文库(37例)
建库试剂盒：MGIEasy 个体识别文库制备试剂盒
测序策略： SE400试剂盒, 10+10+400
分析策略： G99ARS+FIS V1.3
测试目的： 评估G99平台对个体识别文库的适配性

测序总结

- 2个run的Total reads均大于83.1M, 前100cycle Q30>89%
- 从建库到分析结束全流程时间<30小时

分析总结

- STR检出率达99.95%以上, 一致率达99.99%以上; SNP检出率达100%

• 测序结果:

Total reads (M)		First100Cycle Q30(%)	总Q30
Run-1	117.81	94.07	68.6
Run-2	83.1	89.02	62.95

• 生信结果:

STR位点检出率	STR位点一致率	SNP位点检出率
100.00%	100.00%	100.00%
100.00%	100.00%	100.00%

• 测序时间:

上机时间	双barcode测序总时长
<5min	20h
<5min	19h51min

规格参数

产品型号	DNBSEQ-G99RS DNBSEQ-G99ARS	标准FASTQ文件稳定产出 配备生信计算模块,可进行高级分析
尺寸(W*H*D)/净重	607*680*640 mm/~140 kg	
电源	电压 频率 额定功率	100 V-240 V 50/60 Hz 1000 VA, 可供电流不小于10 A
触摸屏	LCD触摸显示屏	
	触摸屏尺寸 触摸屏分辨率	21.5英寸 1920×1080
最大声压*	75 dB(A)	
外壳防护等级	IPX0	
操作环境**	温度 相对湿度 大气压力范围 最大海拔高度	15-30 °C 20-80 %RH 70 kPa-106 kPa 3000 m
控制电脑配置***	CPU 内存 机械硬盘 操作系统	Intel I9-10900e 2.80 GHz 64 GB 6 TB Windows 10
生信模块配置	CPU 内存 系统盘 缓存盘 硬盘 网盘	Intel Xeon 5220S 18C/36T 2.7GHz * 2 256 GB 960 GB 960 GB 32 TB 千兆RJ45接口 * 2

* 最大声压是正常使用时距离外壳1m具有最大声压级的任何位置上进行测量和计算得出的结果
** 仅供室内使用
*** 支持计算机配置和系统版本升级等

订购信息

RUO*	
货号	产品名
900-000561-00	DNBSEQ-G99RS
900-000560-00	DNBSEQ-G99ARS
940-000409-00	DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装 (G99 SM FCL SE100/PE50)
940-000410-00	DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装 (G99 SM FCL PE150)
940-000415-00	DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装 (G99 SM FCL PE300)
940-000413-00	DNBSEQ-G99RS 高通量测序试剂套装 (G99 SM App-C FCL PE150)
940-000520-00	DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装 (G99 SM App-C FCL SE100)
940-000417-00	DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装 (G99 SM FCL SE400)
940-000624-00	DNBSEQ-G99清洗试剂盒 (G99 SM FCL)
按需自选	UPS

* 仅供研究使用，不得用于诊断或治疗。

IVD	
货号	产品名
900-000610-00	DNBSEQ-G99
940-000419-00	测序反应通用试剂盒 (联合探针锚定聚合测序法) (G99 SM FCL SE100/PE50)
940-000422-00	测序反应通用试剂盒 (联合探针锚定聚合测序法) (G99 SM FCL PE150)
940-000522-00	测序反应通用试剂盒 (联合探针锚定聚合测序法) (G99 SM App-C FCL SE100)
940-000425-00	测序反应通用试剂盒 (联合探针锚定聚合测序法) (G99 SM App-C FCL PE150)



售后服务



在全球多个国家和地区设立当地的技术支持和客户体验中心，提供及时有效的技术支持与培训。



全球范围内的在线技术资源共享：
功能齐全的呼叫中心
免费热线:4000-688-114
(北京时间, 工作日 9:00-12:00、13:00-18:00)
以及陆续开放多国语言在线培训课程。



在全球多个国家和地区设立当地备件中心，提供充足的维修备件。



对保修范围内的任何非人为因素和非不可抗因素造成的故障问题提供一站式的服务。



对已购机客户，提供必要的安装调试服务和可选的设备验证服务
如需二次移机等个性化服务，可选择性购买增值服务。



在保修期内提供仪器预防性维护，在保修期外提供多种可选的延保服务方案，为稳定运行保驾护航。

测序仪产品家族



DNBSEQ-E25
有效Reads数:5-25 M
数据产出:0.5-7.5 Gb



DNBSEQ-G99
有效Reads数:80 M
数据产出:8-96 Gb



MGISEQ-200
有效Reads数:100-500 M
数据产出:10-150 Gb



MGISEQ-2000
有效Reads数:300-1800 M
数据产出:55-1440 Gb



DNBSEQ-T7
有效Reads数:5800 M
数据产出:1-7 Tb



DNBSEQ-T20×2
有效Reads数:40 B
数据产出:42-72 Tb