



Геномный секвенатор GS FLX+

Производитель: Roche

Модель: GS FLX+

<https://assa-group.ru/gs-flx-plus>

Геномный секвенатор GS FLX+ - высокоскоростная и высокопроизводительная система секвенирования нового поколения для установления нуклеотидных последовательностей целых геномов. В основе работы GS FLX+ лежит технология 454 Sequencing, разработанная компанией 454 Life Sciences и базирующаяся на методе пиросеквенирования.

Широчайшая область применения

Система GS FLX+ открывает новые горизонты геномных исследований во всевозможных областях:

- Секвенирование De Novo и сборкаПервичное полное секвенирование неизвестных геномов, транскриптомов и экзомов
- Ресеквенирование и картирование Полногеномное и таргетное ресеквенирование, выявление и анализ SNP, делеций, вставок и различных структурных вариантов Анализ ассоциированных с заболеванием участков генома и популяционные исследования
- Метагеномика и микробное разнообразие Секвенирование

и анализ 16S рРНК Полногеномное секвенирование суммарной ДНК микрофлоры из окружающей среды

- Анализ транскриптомов
- Анализ метилирования ДНК
- Палеогенетика

Уникальное сочетание длины прочтений, их качества и количества!

Преимущества

Высокая производительность в сочетании с максимальной на рынке длиной единичного прочтения – до 1000 п.о., позволяет:

- получить более точный сиквенс
- не потерять информацию о структурных вариантах, делециях и вставках при картировании на референс
- точно определить микробный состав образца по метагеному
- быстро осуществить анализ полученных результатов
- осуществить путь от образца ДНК до публикуемого результата менее чем за неделю!

Возможность мультиплексирования образцов в одном запуске (более 2000 образцов)

- Различные форматы пластины, конструкционно разделенные на 1, 2, 4, 8 или 16 участков, позволяют одновременно секвенировать несколько образцов.
- Мультиплексные идентификаторы (MID) MID – синтетические олигонуклеотиды-метки, предусмотренные для секвенирования различного количества образцов в одном участке планшета. Существует основной набор из 12 MID, разработанный компанией 454. Возможно использовать расширенный набор из 141 дополнительного MID, спланированного пользователем.

Технология 3K, 8K, 20K Long-Tag Paired End

Эта технология позволяет прочитывать до 300 нуклеотидов с каждого конца отдельных фрагментов длиной 3, 8 или 20 тыс. нуклеотидов при одном считывании. Она значительно облегчает De Novo сборку геномов и обеспечивает высокую точность разрешения при изучении различных структурных вариантов, в том числе вставок, делеций, инверсий, повторов, изменения числа копий и т.д.

Решение от начала до конца - от генерирования данных до биологически значимого результата

Инновационная технология пиросеквенирования 454 уже позволила опубликовать тысячи научных работ в рецензируемых журналах (my454.com).

Удобное в использовании и простое программное обеспечение для анализа данных и протоколы проводят Вас от данных секвенирования до публикуемого результата.

Вам не нужно быть специалистом в области ИТ или экспертом в биоинформатике, чтобы получить биологически ценный результат и полностью решить Ваши научные задачи.

Простой анализ данных

Все данные, полученные на системе GS FLX+ обрабатываются на компьютере, входящем в комплект системы. В компьютере установлено интуитивное программное обеспечение с графическим интерфейсом, исключая необходимость использования командной строки или дорогостоящего суперкомпьютера. Сделайте все сами при помощи одной системы - от генерирования данных до биологического открытия, при помощи модулей программного обеспечения GS FLX+:

- GS De Novo Assembler “Newbler” – для сборки De Novo
- GS Reference Mapper – для картирования на референсную последовательность

Комплектация

- Прибор GS FLX+
- Компьютер, монитор и программное обеспечение для анализа данных GS Analysis Software
- Устройство для загрузки частиц GS FLX+ Bead Deposition Device
- Противовес GS FLX+ Bead Deposition Device Counterweight
- Разъем для стенной розетки
- Защита камеры
- Адаптеры для шейкера
- Соединительный кабель
- Сетевой кабель

Основные характеристики

Производительность

- до 1 млрд. нуклеотидов за один запуск прибора

Время запуска

- 23 часа

Длина отдельных прочтений

- Модальная длина 700 п.о.
- Средняя длина более 600 п.о.

Точность

- Точность консенсуса 99.997%

Количество прочтений за один запуск

- ~1,000,000 прочтений

Образец

- Геномная ДНК, ампликоны, кДНК, ВАС

Размеры

- 74.3 см x 69.8 см x 36.1 см

Компьютер

- Операционная система Linux в компьютере HP входят в систему.

<https://assa-group.ru/gs-flx-plus>

**Подберем
оборудование
конкретно под вашу
задачу**

+ 7 495 215-06-01

Позвоните, мы составим для вас
коммерческое предложение и
проконсультируем в юридических
вопросах.