

Высокопроизводительная платформа для полногеномного секвенирования SURFSeq 5000 (ГЕНОСКАН 5000)



- 8 геномов человека за запуск
- 2 независимых проточных ячейки
- Автоматическая промывка
- До 4000М прочтений за запуск

Ключевые особенности

Эффективность и скорость: до 8 полных геномов человека за один запуск благодаря производительности в 1200 ГБ до 48 часов.

Многозадачность: 2 проточных ячейки на цикл с поддержкой работы в режиме запуска одной или двух независимых ячеек и возможностью запуска новой ячейки до завершения первого запуска.

Вариативность: ручная и автоматическая загрузка библиотек, поддержка TruSeq и Nextera.

Широкие возможности применения: для секвенирования экзомов, транскриптомов, таргетного секвенирования и метагеномного анализа.

Удобное управление: сенсорный экран и встроенное программное обеспечение для первичной обработки данных.

Сервисная служба по всей России

Наборы в наличии на складе в Москве

Доставка до 7-ми дней до самой удаленной точки России

Оперативное реагирование на запросы

Высокоскоростной секвенатор FASTASeq S

Секвенирование нового поколения (NGS) — одна из ключевых технологий для анализа генома. Современные методы секвенирования позволяют получить большое количество информации о последовательности ДНК. NGS позволяет получить ценную информацию о функциях, активности и изменениях в определённых участках генома. Процесс секвенирования NGS основан на параллельном определении последовательностей фрагментов ДНК в образце.

Лабораторные анализаторы и секвенаторы участвуют в каждом этапе этого процесса: выделении ДНК, подготовке библиотеки, секвенировании и анализе данных. В случае работы с РНК добавляется этап синтеза ДНК, что требует высокой точности работы лабораторных анализаторов.

FASTASeq S объединяет сверхскоростную жидкостную систему и новую ферментативную реакционную систему, значительно повышая эффективность циклов секвенирования. Благодаря алгоритму идентификации оснований на основе ИИ платформа достигает исключительной точности и скорости распознавания сигналов.



Подготовка библиотеки к секвенсу всего за 7 минут

Умная система сортировки и переработки отходов

Сокращение расхода реагентов на 70%

ИИ платформа для идентификации оснований

Получение результатов от подготовки библиотеки до вывода данных за • 2 часа для SE50 • 3 часа для SE100 • 6,8 часов для PE150

Технология амплификации на поверхности проточной ячейки гарантирует высокое качество данных — даже при работе с образцами с низкой концентрацией

Совместимость с TruSeq/Nextera: готовьте библиотеки любыми наборами на базе TruSeq/Nextera

Высокоскоростной секвенатор FASTASeq 300 (ГЕНОСКАН 3700)

Аналог illumina miSeq, только в 4 раза мощнее

4 вида наборов для любого типа экспериментов

В наборе одна ячейка с 4-мя независимыми дорожками

Автоматическая промывка после окончания запуска

В один запуск до 384-х геномов бактерий/вирусов



Режим PE300 - длинные риды для метагеномных исследований и 16S

Поддержка основных типов библиотек illumina, в том числе: Truseq | Nextera | малых РНК Truseq

5 типов проточных ячеек от самых маленьких на 50 млн прочтений, до самых ёмких ячеек на 500 млн

Оптимален для онкопанелей, метагеномного секвенирования

на 20% БЫСТРЕЕ любого NGS секвенатора

Секвенатор нуклеиновых кислот Геноскан 4000

Геноскан 4000 – универсальный и высокопроизводительный прибор, масштабируемый под разные потоки. Надежность и качество этого секвенатора доказаны многолетним опытом его использования в различных клинических и научных лабораториях России. Высокопроизводительная платформа: до 300 Гб за 1 запуск, идеален для полноэкзомного секвенирования. 2 независимые проточные ячейки, полная совместимость с библиотеками Truseq\Nextera.

Гибкий - разные режимы запусков

Возможны два независимых запуска одновременно

Анализ любых библиотек, совместимых с платформой Illumina

Секвенирование и анализ данных для многих отраслей

2 проточные ячейки на цикл (поддержка работы в режиме запуска одной или двух независимых ячеек)

500М прочтений на запуск (2 проточные ячейки FCM), *1000М (2 проточные ячейки FCH)



25–150 Гб данных/запуск (FCM), 50–300 Гб (FCH*1000М (2 проточные ячейки FCH)

длина считывания: SE75, SE150, PE75, PE100, PE150

общее время секвенирования: 12-48 ч

качество данных: $\geq 80\% > Q30$, точность $\geq 99\%$

по ТУ 26.51.53-004-95224908-2020,
производство РФ, РУ Минздрава РФ № РЗН 2025/24616