

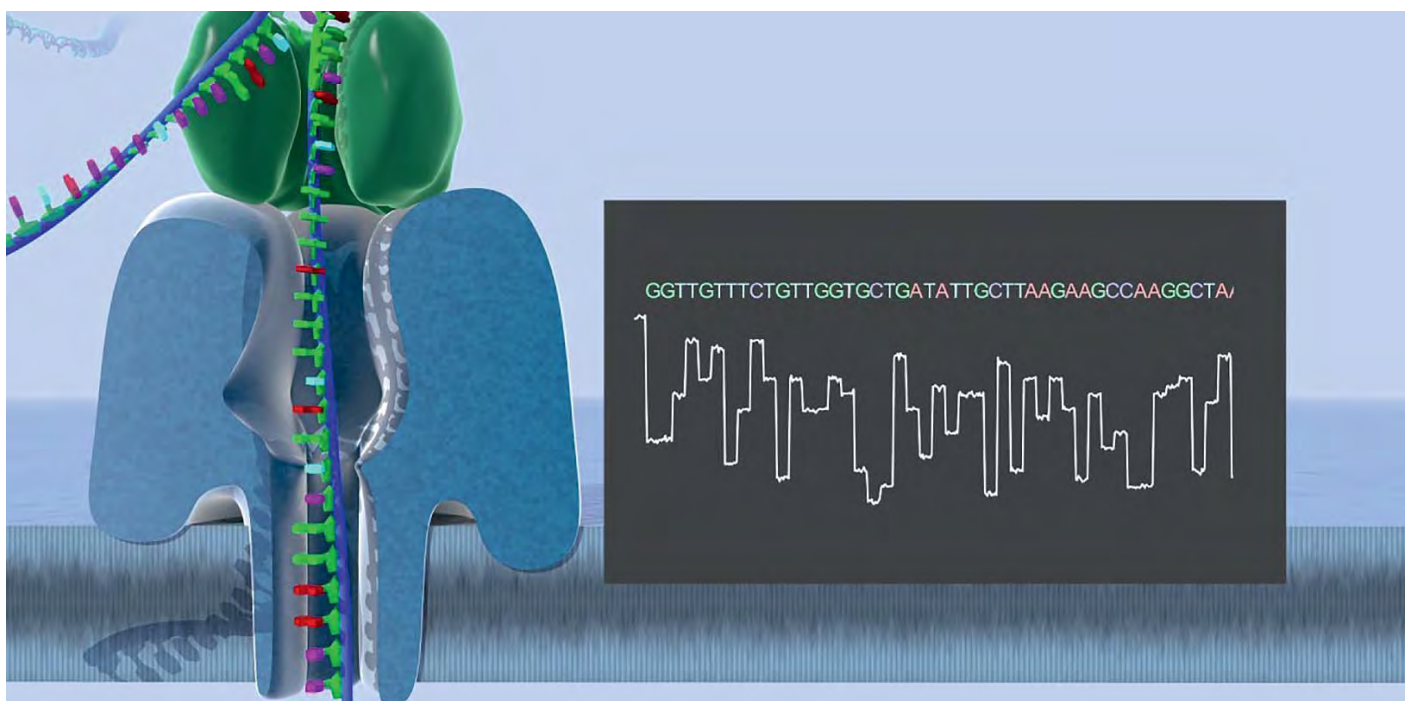
Нанопоровое секвенирование Oxford Nanopore Technologies

ДИА•М
сервисная лаборатория



Только Oxford Nanopore может это

- Прямое чтение нуклеотидной последовательности цепей ДНК, РНК.
- Длина прочтения ограничена только длиной фрагмента.
- Наблюдение за ходом секвенирования в реальном времени дает возможность остановки процесса в любой момент при достаточном накоплении данных, при очевидных ошибках пробоподготовки или других сбоях в работе; интерпретацию сигналов (basecalling) и анализ данных можно проводить непосредственно в процессе секвенирования; простой алгоритм сборки полученных буквенных последовательностей.
- Секвенирование в полевых условиях и в мобильных лабораториях - нет необходимости доставлять образцы в специализированную лабораторию.
- Простая и быстрая подготовка библиотек – в течение 10 минут за 2 шага.
- Оборудование не требует специальных навыков для инсталляции и обслуживания.



MinION

карманный секвенатор

- Одна проточная ячейка
- До 20 Гб данных
- Поключается к ПК через USB 3.0
- Многоразовая проточная ячейка, рассчитанная на 48 часов непрерывной работы – 512 каналов с нанопорами.



GridION

настольный секвенатор

- 5 проточных ячеек – 2560 активных каналов с нанопорами
- До 100 Гб данных
- Независимая работа каждой ячейки
- Встроенный компьютер



PromethION

высокопроизводительный секвенатор

- 48 проточных ячеек – 144 000 активных каналов с нанопорами
- Самый высокопроизводительный секвенатор на сегодня
- Независимая работа каждой ячейки
- Отдельно стоящий компьютер в комплекте



Flongle – адаптер для **MinION** и **GridION** и одноразовая ячейка для работы с короткими ридами – 128 каналов с нанопорами; для контроля качества, секвенирования ампликонов, малых геномов, таргетного секвенирования.



MinIT – карманный компьютер с предустановленными Linux OS и MinKNOW, предназначен для работы с секвенатором **MinION** как дополнение или альтернатива персональному компьютеру. Процесс также может контролироваться через bluetooth с ноутбука, планшета или смартфона.



VolTRAX 2.0 – портативный прибор для автоматической подготовки библиотек

- Встроенный нагревательный блок и магниты;
- нагрев до +98 °С, постановка полноценной ПЦР;
- 15 загрузочных портов
- встроенный детектор флуоресценции для количественного анализа нуклеиновых кислот;
- подготовка библиотек вне лаборатории;
- работа от ПК через USB.

Наборы для подготовки библиотек ДНК без стадии ПЦР:

SQK-LSK109

Набор Ligation Sequencing Kit 1D, 6 реакций

Для наибольшей производительности, пробоподготовка 60 мин, 1000 нг дцДНК, фрагментация опционально, длина ридов равна длине фрагментов ДНК

SQK-RAD004

Набор Rapid Sequencing Kit, 6 реакций

Простая и быстрая пробоподготовка, 10 мин, 400 нг высокомолекулярной геномной ДНК (> 30 т. п.о.), фрагментация транспозазой, длина фрагмента случайная

SQK-LSK308

Набор 1D² Sequencing Kit, 6 реакций

Наибольшая точность прочтения, пробоподготовка 80 мин, 1000 нг ДНК, фрагментация опционально, длина ридов равна длине фрагментов ДНК, чтение обеих цепей двухцепочной ДНК совместим только с проточными ячейками R9.5.

Наборы для подготовки библиотек РНК:

SQK-RNA001

Набор Direct RNA Sequencing Kit, 3 реакции

Прямое секвенирование молекул РНК с сохранением модификаций оснований, пробоподготовка 115 мин, 500 нг РНК (поли А+), длина ридов равна длине фрагментов РНК, без стадии ПЦР, обратная транскрипция опциональна

SQK-PCS108

Набор cDNA-PCR Sequencing Kit, 6 реакций

Высокопроизводительное секвенирование полноразмерных транскриптов, пробоподготовка 115 мин, 50 нг РНК (поли А+), длина ридов преимущественно равна длине полноразмерных кДНК, со стадией ПЦР и обратной транскрипцией

SQK-DCS108

Набор Direct cDNA Sequencing Kit, 6 реакций

Секвенирование полноразмерных транскриптов без стадии ПЦР, пробоподготовка 210 мин, 250 нг РНК (поли А+), длина ридов равна длине кДНК с обратной транскрипцией

Другие наборы для подготовки библиотек:

- наборы, включающие стадию ПЦР, при небольших количествах выделенной ДНК и для таргетного секвенирования;
- наборы для мультиплексирования, для снижения затрат на секвенирование (баркодирование);
- наборы для специфических применений – анализ 16S, устойчивость к антибиотикам, идентификации бактерий, грибов, архей, вирусов, секвенирование экзозом;
- наборы для баркодирования.

Basecalling и интерпретация данных

При прохождении молекулы нуклеиновой кислоты через нанопору регистрируются данные об изменении электрического тока, на основании этих данных можно интерпретировать не только последовательность нуклеотидов, но и их различные модификации. **Интерпретация (Basecalling) может происходить онлайн с помощью встроенной программы MinKNOW или оффлайн с помощью программы Albacore** и др. Платформа **EPI2ME** – готовое решение от подготовки библиотек до получения результата для некоторых применений (баркодирование, анализ 16S, устойчивость к антибиотикам, идентификации бактерий, грибов, архей, вирусов (**WIMP** – What is in my pot), секвенирование экзозом, сопоставление полученных сиквенсов с имеющимися в базах данных (GenBank). В **Nanopore Community** доступны различные решения для анализа полученных данных - Variant calling, *de novo* assembly и многое другое. Данные секвенирования после Basecalling преобразуются в файлы в формате fastq и пригодны для анализа с помощью инструментов в **Nanopore Community** или платформы **EPI2ME**.

000 «Диаэм»

Москва
ул. Магаданская, д. 7, к. 3 ■ тел./факс: (495) 745-0508 ■ sales@dia-m.ru

www.dia-m.ru

С.-Петербург
+7 (812) 372-6040
spb@dia-m.ru

Новосибирск
+7 (383) 328-0048
nsk@dia-m.ru

Воронеж
+7 (473) 232-4412
vrn@dia-m.ru

Йошкар-Ола
+7 (927) 880-3676
nba@dia-m.ru

Красноярск
+7 (923) 303-0152
krsk@dia-m.ru

Казань
+7 (843) 210-2080
kazan@dia-m.ru

Ростов-на-Дону
+7 (863) 303-5500
rnd@dia-m.ru

Екатеринбург
+7 (912) 658-7606
ekb@dia-m.ru

Кемерово
+7 (923) 158-6753
kemerovo@dia-m.ru

Армения
+7 (094) 01-0173
armenia@dia-m.ru

