

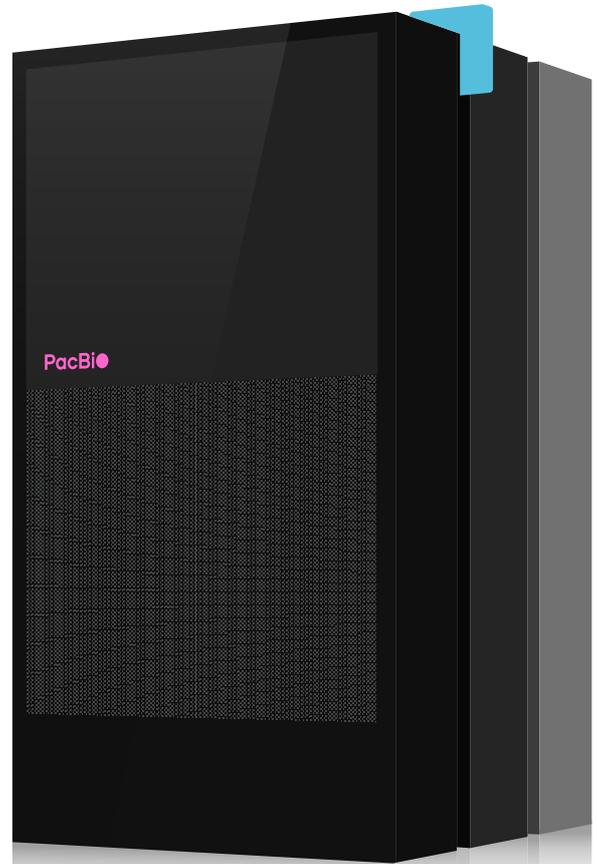
SECUENCIACIÓN DE FRAGMENTOS LARGOS HIFI DE ALTO RENDIMIENTO

Tecnología

El sistema PacBio Revio se basa en la tecnología de secuenciación de una sola molécula en tiempo real (SMRT) de alto rendimiento. La secuenciación se realiza utilizando arrays nanofabricados, los SMRT Cells 24M, donde quedan inmovilizados los complejos polimerasa-molécula molde y cada vez que se une un nucleótido marcado hay un pulso eléctrico que lo identifica. Este sistema no requiere amplificación permitiendo la detección de modificaciones en la secuencia como la metilación y ofreciendo una visión completa de los genomas, transcriptomas y epigenomas. Citado en miles de publicaciones, los sistemas de PacBio están siendo utilizados por científicos de todo el mundo para impulsar el descubrimiento en la investigación biomédica humana, las ciencias vegetales y animales y la microbiología.

APLICACIONES

Target sequencing - Amplicon sequencing - No-Amp sequencing	Whole Genome Sequencing - Assembly - Microbial Multiplexing - Variation detection
Complex Poulation - Metagenomics	RNaseq - Iso-Seq



Ref. 06102-090-600

Secuenciador de fragmentos largos HiFi Revio

Características

Revio: ópticas de alto rendimiento, sistema automático de transferencia de líquidos y un sistema operativo intuitivo e inteligente.

Escala: 1300 genomas humano HiFi por año

Facil de usar: consumibles simplificados y configuración de ejecución flexible. Se pueden ir añadiendo runs mientras otro está en marcha reduciendo el fungible.

Poder de análisis con menor tiempo de procesamiento y de recursos informáticos: incorpora un ordenador que disminuye la necesidad de almenaje de datos y de tiempo de análisis gracias a Google DeepConsensus y NVIDIA GPUs con >20x más capacidad analítica que el Sequel IIe.

Asequible: \$1000 por genoma HiFi

Sin necesidad de aporte de nitrógeno

Lecturas de fragmentos largos: 15-18 kb

Alta precisión: > 90% de las bases \geq Q30 y una precisión de lectura mediana \geq Q30.

Número de lecturas de alta fidelidad: hasta 96 millones. Se pueden analizar 4 SMRT cells de 24M a la vez

Resolución de una sola molécula / lecturas de alta fidelidad: Lecturas de alta fidelidad hasta 18 kb con precisión de molécula única > 99,95% (Q33) y que cumplen los requisitos de calidad del genoma: contigüidad, integridad y corrección.

Cobertura uniforme: Sin amplificación de ADN con un mínimo sesgo de complejidad de secuencia y contenido de GC

Detección epigenética simultánea: No se requiere preparación de muestras por separado

Tiempo de ejecución de secuenciación de 24h

Datos de secuenciación: hasta 90 Gb

Especificaciones

MUESTRA	SMRT CELLS	ESPERADO POR AÑO*	COBERTURA ESPERADA*
Genoma humano	1	1300	30X
Transcriptoma de célula única	1	1300	80M lecturas
Gran panel de genes (20Mb)	12	15600	90% posiciones target $\geq 10X$

*Las coberturas y los rendimientos esperados son estimaciones. La cobertura puede variar según la calidad de la biblioteca y la longitud de los fragmentos. El rendimiento anual se basa en 1300 células Revo SMRT.

Información de compra

Ref. 06102-090-600
Revo system

Ref. 06102-301-900
Nanobind CBB kit 24 rxns

Ref. 06102-182-700
SMRTbell prep kit 3.0 24rxns

Ref. 06102-817-600
Revo polymerase kit 24rxns

Ref. 06102-202-200
SMRT Cell tray Tray (4 SMRT cells)

Ref. 06102-587-400
Revo sequencing plate



Condiciones

- Transporte gratuito para pedidos superiores a 200 € (sin IVA).
- Gastos de transporte: 20 € (+IVA).
- En el caso de envíos que incluyan productos que requieran hielo seco, tendrán así mismo un cargo adicional por este concepto.

Cultek S.L.U.

Your partner in life sciences



917 290 333



info@cultek.com



www.cultek.com