PacBio

Vega sistem

HiFi sekvenciranje na dohvat ruke

Premium HiFi podaci, promo cena

Vega
165.000,00 EUR sistem
1.280,00 EUR po ćeliji
Reagent rental mogućnost

Dokazana HiFi technologija

Kompatibilno sa HiFi library prep i analizom

Sekvenirajte kako vi želite

Potpuna kontrola procesa rada i analize koje su uključene u pipeline

Aplikacije

Full-length RNA, WGS, targetirani paneli (PureTarget i Custom) ,16s, metagenomika i dr.

HiFi preciznost po pristupačnoj ceni

HiFi sekvenciranje je jedina long-read tehnologija koja daje 99.9% ili bolju preciznost pri svakom run-u. HiFi eliminiše tradeoff između dužine čitanja i preciznosti.

Sa preko 1,000 peer-reviewed publikacija samo u 2023 i preko 1,200 HiFi instrumenata globalno, Vega™ postaje član PacBio® porodice pouzdanih i uspostavljenih sistema za sekvenciranje.

Velika dužina čitanja

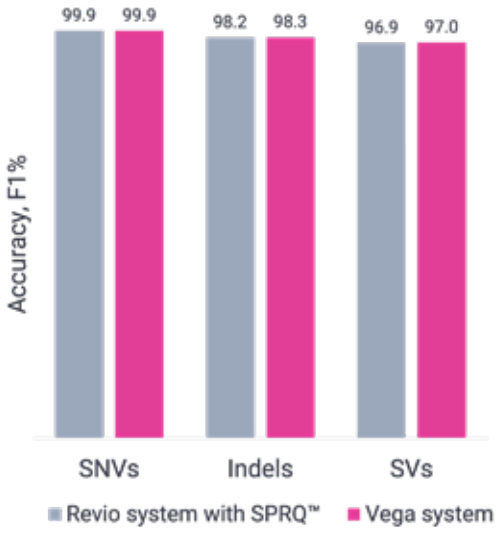
Jednostavna priprema biblioteke

Niska ulazna koncentracija

Mala veličina izlaznog fajla i smanjeno vreme obrade podataka

Kompletna analiza u jednom pipeline-u

Visoka preciznost čitanja



Podaci za jednu Revio SMRT ćeliju za HG002 na 20× coverage.

Dva sistema, jedan zlatni standard

Vega i Revio sistemi daju iste HiFi sekvence, osiguravajući tačne i precizne podatke.
HiFi pokriva sve regione genoma dajući najkompletniji i najprecizniji assembly i variant calls.
Za razliku od short read, koji može da "propusti" kompleksne regione, HiFi obezbeđuje transkripte pune dužine i teške regione.

Kompletan uvid u biologiju sa HiFi

Variant calling sa phasing + metilacija

Visoka preciznost za sve tipove varijanti — SNVs, indels, strukturne varijante, tandem repeat expansions i metilacije — uključujući zahtevne regione.

Full-length RNA sekvenciranje

Karakterizacija full-length isoformi, kompleksna alternativna splajsovanja, i fuzioni transkripti

Targetovano sekvenciranje

HiFi variant calling tehnologija enrichment -a regiona od interesa bilo PureTarget™, hybrid capture ili PCR amplikonima.

Genomika mikroorganizama

Karakterizacija mikroorganizama i zajednica - metagenomika u punom sjaju

> *"HiFi long read sequencing can now produce the most comprehensive variant dataset obtainable by a single technology in a single laboratory, allowing accurate calling of substitutions, indels, STRs and SVs."*
>
> *Kucuk et al. Genome Med 2023*

Jedna SMRT® Cell po run-u sa 60 Gb output generiše...

Aplikacija	Pokrivenost	Br uzoraka po Vega SMRT ćeliji	Broj uzoraka godišnje
Amplikoni	50×	>1,000	200,000
Mikrobioloski genom	30×	384	75,000
PureTarget paneli	> 100× mean per target	48	9,600
Transkriptom sa Kinnex™ full-length RNA kitom	10 miliona čitanja	3	600
Humani genom	20×	1	200
Humano metilaciono profilisanje	5×	4	800

All sample throughputs are estimates for the Vega system with 1 SMRT Cell per run. Annual throughput on Vega is based on 200 Vega SMRT Cells. Coverage may vary based on sample quality, library quality, and fragment lengths. Currently available SMRTbell® adapter index plates 96A-96D contain a total of 384 SMRTbell barcoded adapters. Microbial de novo assembly assumes microbes with 2 Gb of total genome size at 30x per sample. Full-length RNA sequencing assumes a total of 30M reads for Vega.

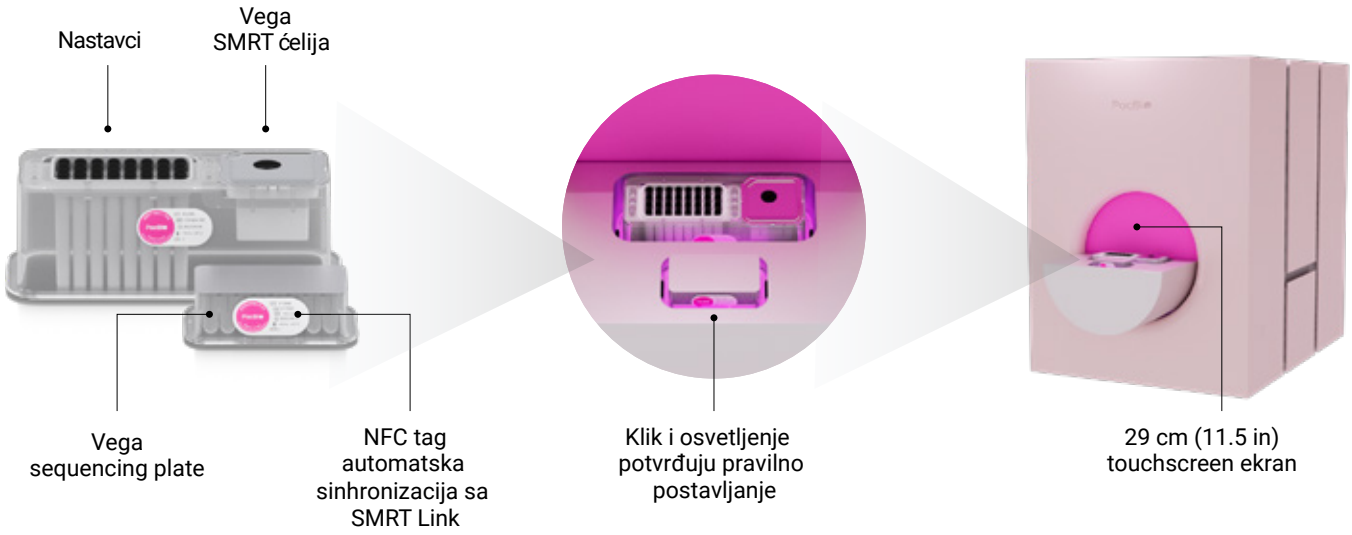
Mali i moćan

Innovativna Revio tehnologija, u benchtop verziji

Kompletna integracija sa HiFi library prep protokolima i SMRT® Link run management softverom

On-instrument primarna analiza, uključujući DeepConsensus, methylation calling, i opciono barcode demultiplexing u svakom run-u.

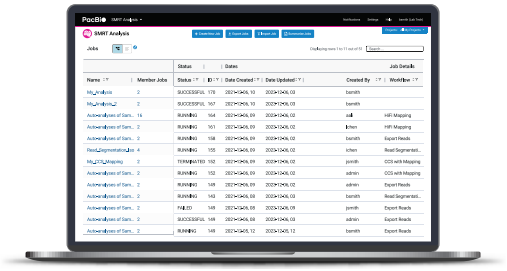
Dva kertridža



Dizajn + kontrola eksperimenata sa SMRT Link softverom

An end-to-end workflow manager dostupan za instalaciju na lokalnom cloud-u

:



Postavka
Izračunaj binding and annealing reakcije za pripremu biblioteke na svim HiFi sistemima.

Run-ovi
Vidi informacije o run-ovima, prati progres i kreiraj nove.

Instrument
Vidi informacije o instrumetu, status sekvenciranja, preostalo vreme i pre-load dostupnost za sledeći run.

Upravljanje podacima
Kreiraj projekte i setove podataka; generiši QC izveštaje; vidi, uvezi i izvezi sekvence, referentne sekvence i barkodove.

SMRT Analiza
Uradi sekundarnu analizu, uključujući poravnanje sekvence,

Uštedi na troškovima obrade i skladištenja podataka

Vega system ide iznad basecalling – svaki run prati DNK metilacioni status.
On-instrument primarna analiza uključuje barcode demultiplexing i konvertovanje u standardni BAM format. sa veličinom od nekih 0.5 bytes po bazi - 20× manje nego druge long-read tehnologije.

	Na instrumentu	Van instrumenta	Tipičan output format i veličina
Vega sistem	• Base calling • generisanje HiFi read sa DeepConsensus • Methylation calling • Barcode demultiplexing • generisanje BAM fajla	• Variant calling • Asemblovanje genoma	hifi_reads.bam Vega: 30 GB
Druge long-read tehnologije	• prikupljanje signala • Inicijalni base calling	• Dodatni base calling • Methylation calling • Barcode demultiplexing • generisanje BAM fajla • Variant calling • Asemblovanje genoma	Fast5/pod5 1,300 GB

East Diagnostics

Zvanični distributer PacBio tehnologije za Balkan

Srbija, Bugarska, Hrvatska, Slovenija, Albanija, Crna Gora, Makedonija, Rumunija, Bosna i Hercegovina

East Diagnostics d.o.o. je zvanični distributer **PacBio** instrumenata za sekvenciranje na teritoriji Balkana. Kao ovlašćeni partner jednog od svetskih lidera u tehnologiji *long-read sequencing*, našim klijentima garantujemo pristup najsavremenijoj opremi, originalnim reagensima i potrošnom materijalu, uz kompletnu tehničku i aplikativnu podršku.

Verujemo da napredna nauka zaslužuje napredne alate – i tu smo da taj korak učinimo što jednostavnijim.

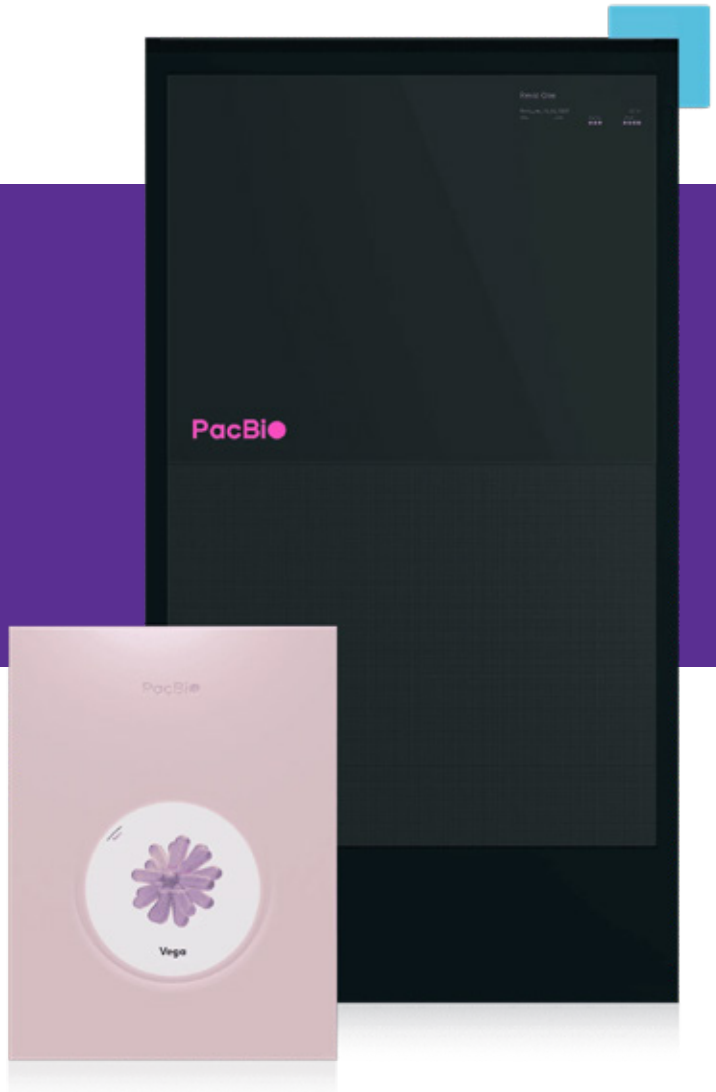
Kontaktirajte nas

East Diagnostics d.o.o.

Prodaja: +381 69 22 30 426
Administracija: +381 69 22 30 416
Marketing: +381 69 22 30 415

email: office@east-diagnostics.com

Mike Alasa 19, 11000 Beograd
Republika Srbija



pacb.com
east-diagnostics.com