



MGI



# DNBSEQ

Самая современная технология  
NGS-секвенирования



helicon



# MGI Tech

Производитель NGS-секвенаторов  
с мировым именем

В 2018 году Компания MGI Tech ворвалась на мировую арену полногеномного секвенирования и в кратчайшие сроки завоевала признание и любовь пользователей из разных стран.

MGI Tech является частью Пекинского Геномного Института (BGI) – лидера по объему полученных данных полногеномного секвенирования. Огромный парк оборудования и высокое качество работы делают BGI желанным партнером для разноплановых научных лабораторий.

ДЛЯ ПОЛЬЗОВАТЕЛЕЙ СО ВСЕГО МИРА



**39**  
стран



**35+**  
Пб данных



**880+**  
публикаций



**1600+**  
инсталлированных  
приборов



**500+**  
пользователей



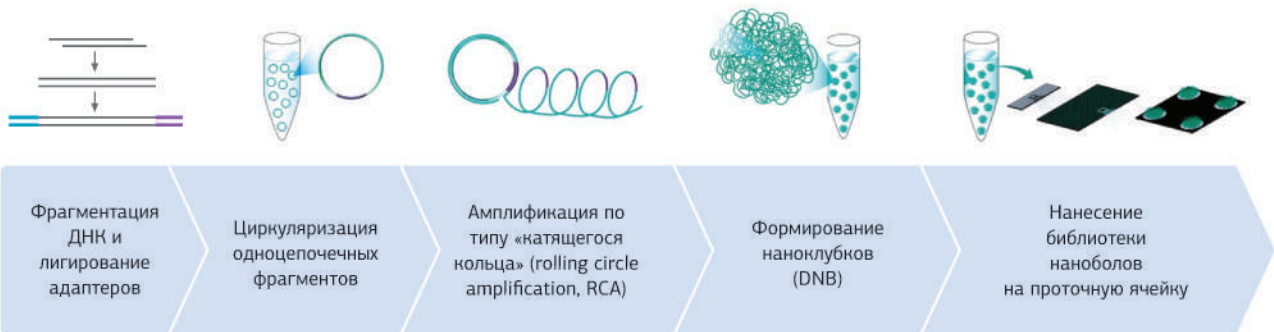
ООО «Компания Хеликон» является партнером и официальным дистрибьютором MGI Tech, с конца 2018 года. За это время более 50 российских лабораторий оценили качество секвенирования на приборах DNBSEQ, а 15 лабораторий приобрели собственные секвенаторы.

# DNBSEQ

Уникальная  
технология подготовки  
NGS-библиотек  
без ПЦР

## «Наноболы» ДНК

Секрет уникальной точности секвенирования MGI заключается в особой технологии подготовки библиотек: после лигирования адаптеров происходит денатурация двуцепочечных фрагментов ДНК и дальнейшая циркуляризация полученных одноцепочечных молекул. Ключевым преимуществом технологии DNBSEQ является амплификация по типу «катящегося кольца» (rolling circle amplification, RCA). В отличие от ПЦР, где ошибки, вносимые ДНК-полимеразой, клонально накапливаются в каждом цикле, линейная амплификация происходит с исходной матрицы, что исключает накопление ошибок. После нескольких сотен циклов амплификации образуется длинная линейная молекула одноцепочечной ДНК, которая в дальнейшем компактизуется в «нанобол» ДНК (DNB – DNA NanoBall).



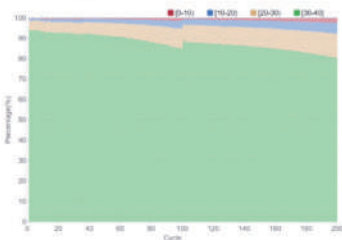
# coolMPS

Новейший метод  
секвенирования с  
точностью Q30>98%

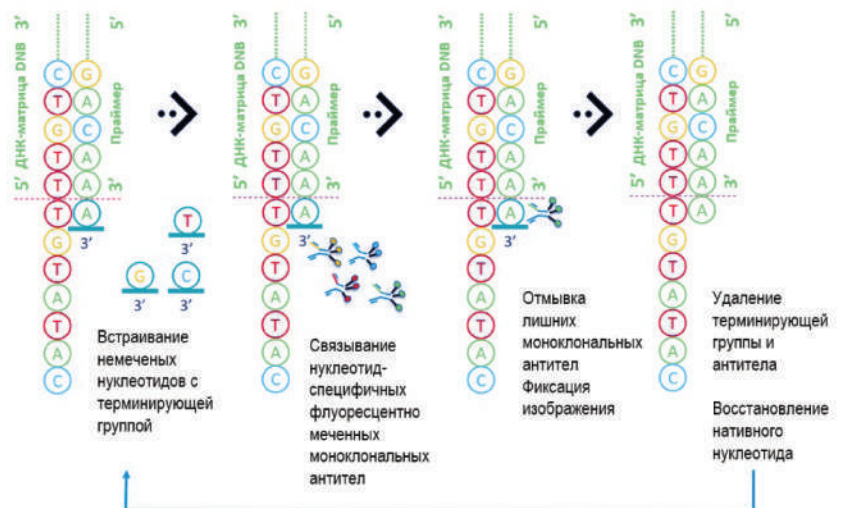
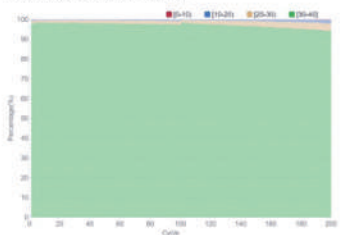
## Секвенирование с помощью антител

Особенность технологии coolMPS (tm) заключается в использовании нативных нуклеотидов и флуоресцентно меченных нуклеотид-специфичных моноклональных антител в процессе секвенирования. Данный метод обеспечивает лучшую детекцию сигнала и повышение точности секвенирования. Полученные данные достигают параметра качества Q30>98%!

Стандартная химия Q30>80%



CoolMPS Q30>98%



# DNBSEQ-G50

Компактный настольный секвенатор для таргетного секвенирования

Младшая модель секвенаторов MGI DNBSEQ-G50 предназначена для выполнения исследовательских и прикладных задач, не требующих большого количества данных: полногеномное секвенирование микроорганизмов, репродуктивные технологии (НИПТ, ПГС), секвенирование панелей генов, ChIP-Seq и др.

150

Гб данных за запуск

2

типа проточных ячеек

14

экзомов человека за запуск (PE100)



## ТЕХНИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ

Длина прочтения		SE50	SE100	PE100	PE150
Среднее количество прочтений за запуск	Проточная ячейка FCS	75-100 млн			
	Проточная ячейка FCL	500 млн			
Средняя производительность	Проточная ячейка FCS		10 Гб	20 Гб	23 Гб
	Проточная ячейка FCL	25 Гб	50 Гб	100 Гб	150 Гб
Время секвенирования	Проточная ячейка FCS		~10 ч	~20 ч	~28 ч
	Проточная ячейка FCL	~9 ч	~13 ч	~26 ч	~40 ч
Качество данных		Q30 ≥ 85%			

## ОСНОВНЫЕ ПРИЛОЖЕНИЯ



Таргетное секвенирование



Секвенирование малых геномов



Репродуктивная генетика



Секвенирование экзома



Анализ транскриптома

# DNBSEQ-G400

Универсальный NGS-секвенатор для решения любых прикладных и исследовательских задач

DNBSEQ-G400 – самая гибкая модель в ряду секвенаторов MGI. Широкий выбор параметров и возможность пользовательских настроек позволяют использовать прибор для всех основных приложений NGS: секвенирования экзонов и геномов, shot-gun метагеномика, RAD-секвенирование и др.

PE200  
SE400

максимальная  
длина прочтений

2

независимые  
проточные ячейки

10

полных геномов  
человека за запуск (PE150)



## ТЕХНИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ

DNBSEQ-G400 позволяет запускать одну или две проточные ячейки одновременно. Максимальная производительность запуска при использовании двух ячеек – 1 440 Гб.

Длина прочтения	Проточная ячейка FCS (2 дорожки)			Проточная ячейка FCL (4 дорожки)					
	SE100	PE100	PE150	SE50	SE100	SE400	PE100	PE150	PE200
Длина прочтения									
Среднее количество прочтений за запуск	550 млн			1,8 млрд					
Средняя производительность	55 Гб	110 Гб	165 Гб	90 Гб	180 Гб	720 Гб	360 Гб	540 Гб	720 Гб
Время секвенирования	~13 ч	~26 ч	~37 ч	~14 ч	~25 ч	~109 ч	~48 ч	~66 ч	~107 ч
Качество данных	Q30 ≥ 85%								

## ОСНОВНЫЕ ПРИЛОЖЕНИЯ



Полногеномное  
секвенирование



Секвенирование  
экзома



Метагеномика



Анализ  
транскриптома



Репродуктивная  
генетика

# DNBSEQ-T7

Самый высокопроизводительный полногеномный секвенатор

DNBSEQ-T7 – уникальный по своей производительности NGS-секвенатор. Благодаря ультрасовременной оптической системе анализ до 60 полных геномов человека можно провести всего за 24 часа – в два раза быстрее ближайших аналогов! Возможность независимого использования 4 проточных ячеек позволяет комбинировать разные эксперименты в одном запуске.

6

Tb данных за запуск

4

независимые проточные ячейки

60

полных генома человека за 24 часа



## ТЕХНИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ

Длина прочтения		PE100	PE150
Среднее количество прочтений за запуск	1 проточная ячейка	5 000 млн	
	4 проточных ячейки	20 000 млн	
Средняя производительность	1 проточная ячейка	1 000 Гб	1 500 Гб
	4 проточных ячейки	4 000 Гб	6 000 Гб
Время секвенирования	1 проточная ячейка	~20 ч	~24 ч
	4 проточных ячейки	~20 ч	~24 ч
Качество данных		Q30 ≥ 85%	

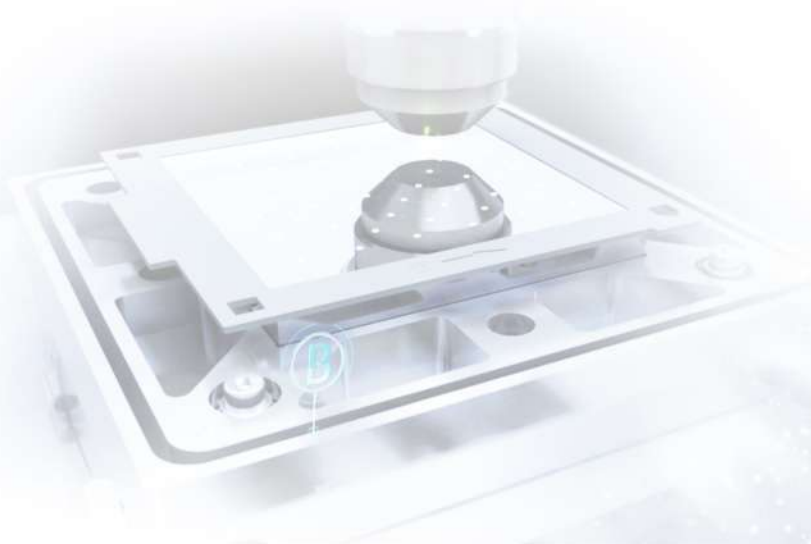
## ОСНОВНЫЕ ПРИЛОЖЕНИЯ



Полногеномное секвенирование



Секвенирование экзома



# Станции MGISP

Ваши надёжные помощники в автоматизации подготовки NGS-библиотек

- ✓ Технологичность
- ✓ Скорость
- ✓ Гибкость

Какие этапы можно автоматизировать на MGISP-960?



## MGISP-100



- 8-16 образцов за запуск
- 1 универсальная конфигурация
- 8 часов на подготовку 16 образцов полных геномов человека

## MGISP-960



- 8-96 образцов за запуск
- 11 конфигураций под различные задачи
- 8 часов на подготовку 96 образцов полных геномов человека

## Наборы для подготовки библиотек и секвенирования

Широкий выбор реагентов под различные задачи

### ✓ Конверсия библиотек Illumina

Universal Library Conversion Kit позволяет секвенировать библиотеки, подготовленные под Illumina, на приборах DNBSEQ. Это открывает доступ к широкому спектру таргетных панелей, а также библиотекам, полученным из единичных клеток на платформе 10x Genomics.



### Наборы для подготовки библиотек

Наборы для подготовки библиотек MGIEasy Library Prep включают все необходимые компоненты для рабочего процесса, в том числе баркодированные адаптеры и магнитные частицы. Такой формат обеспечивает дополнительное удобство в работе и экономит время и средства. В зависимости от потребностей лаборатории можно выбрать наборы с ферментом для энзиматической фрагментации или без него.



### Наборы для секвенирования

Наборы для секвенирования содержат реагенты для клональной амплификации библиотек и формирования наночастиц DNB, проточную ячейку и реагентный картридж. В зависимости от задачи и потоков исследования можно выбрать необходимый формат проточной ячейки и длины прочтения из широкого перечня наборов.

\*Ознакомиться с полным перечнем наборов, а также узнать стоимость интересных позиций Вы можете на сайте [helicon.ru](http://helicon.ru) или у менеджеров Компании Хеликон.

# Какой секвенатор подойдёт именно Вам?



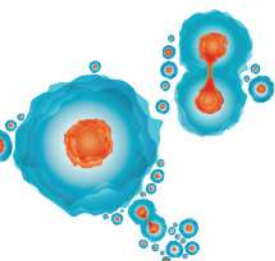
	DNBSEQ-G50	DNBSEQ-G400	DNBSEQ-T7
<b>ТЕХНИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ</b>			
Производительность за запуск	10 – 150 Гб	55 – 1 440 Гб	1 000 – 6 000 Гб
Количество прочтений за запуск	75 – 500 млн	550 – 3 600 млн	5 000 – 20 000 млн
Длина прочтений	SE50, SE100, PE100, PE150	SE50, SE100, SE400 PE100, PE150, PE200	PE100, PE150
Время секвенирования (PE100)	~26 ч	~48 ч	~20 ч
Кол-во геномов за запуск (PE150, покрытие 30x)*	1	до 10	до 60
Кол-во экзомов за запуск (PE100, покрытие 100x)*	до 14	до 102	до 571
<b>ОСНОВНЫЕ ПРИЛОЖЕНИЯ</b>			
Секвенирование больших геномов		+	+
Секвенирование малых геномов	+	+	
Экзомное секвенирование	+	+	+
Анализ полного транскриптома	+	+	
Таргетное секвенирование	+	+	
16S-метагеномика		+	
Репродуктивная генетика	+	+	

Для всех секвенаторов доступны разные типы проточных ячеек. Выбирая количество ячеек, используемых за запуск, а также характер и длину прочтений, Вы сможете подобрать оптимальные условия для решения Вашей задачи.



Воспользуйтесь  
нашим новым ресурсом

[mgi.helicon.ru](http://mgi.helicon.ru)



**helicon**

ООО «Компания Хеликон» –  
официальный дистрибьютор MGI  
на территории России и стран СНГ

Единый телефон  
**8 (800) 770-71-21**  
Звонок по России бесплатный

121374, Москва,  
Кутузовский проспект, 88  
[helicon.ru](http://helicon.ru)