

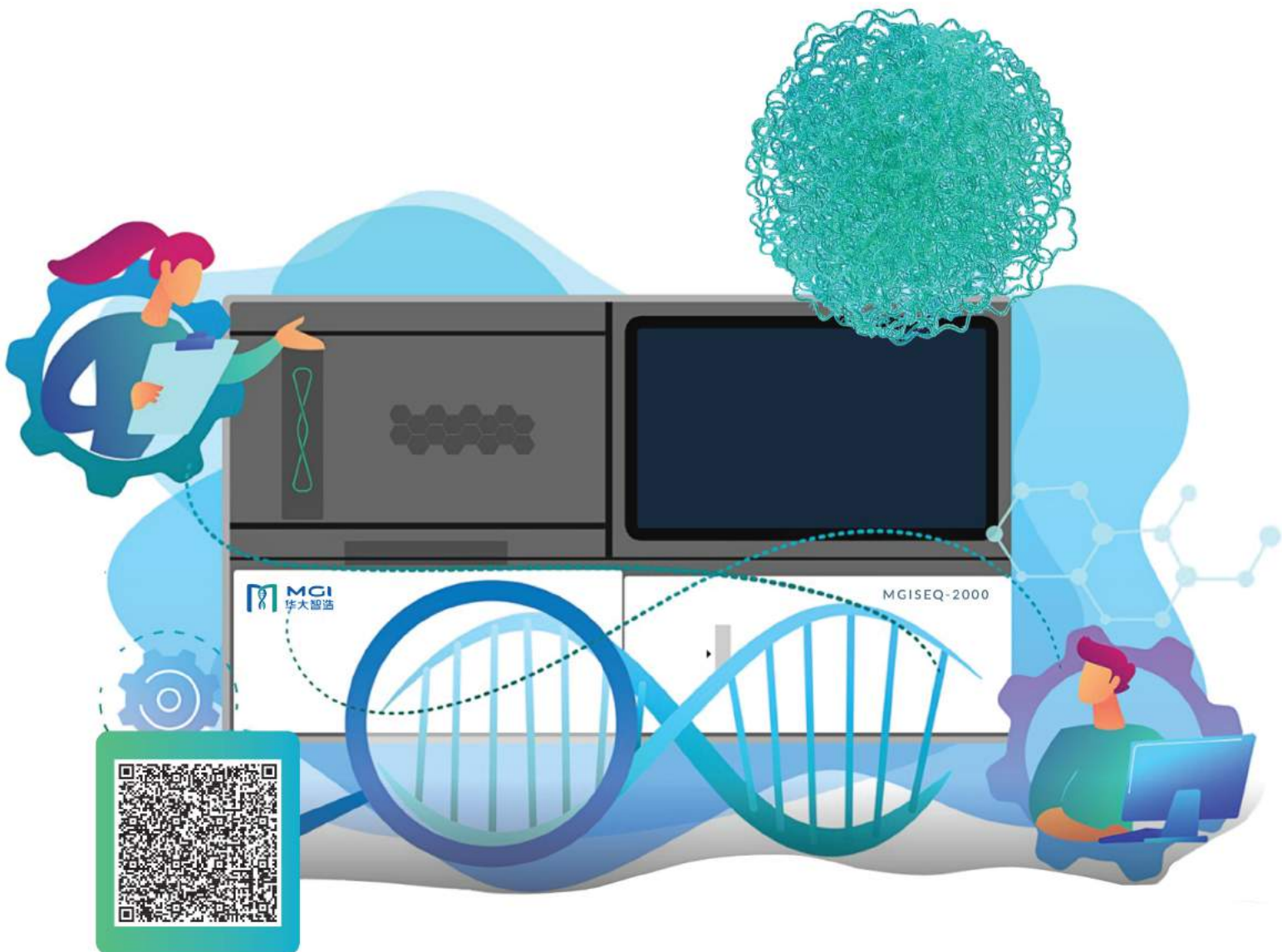
helicon

华大基因  
BGI

MGI  
华大智造

# Полногеномные секвенаторы MGISEQ

Точность. Надежность. Доступность.



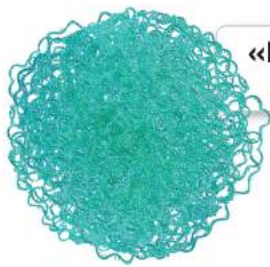
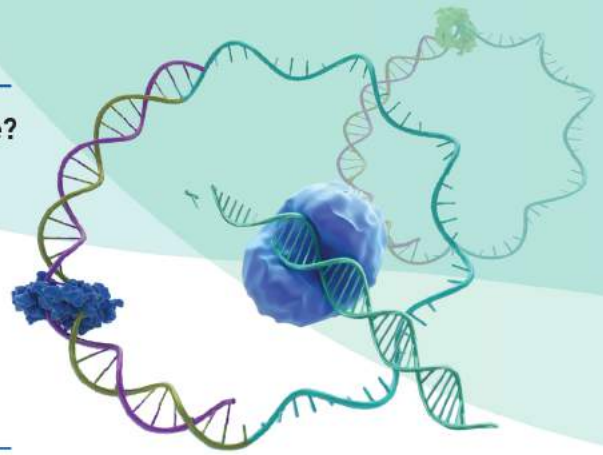
# Секвенирование с MGI

## Что делает секвенаторы MGISEQ самыми точными в мире?

- ✓ Клональная амплификация по типу «катящегося кольца» в процессе подготовки библиотек
- ✓ Упорядоченная проточная ячейка
- ✓ Секвенирование по принципу cPAS

## Секвенаторы MGISEQ позволят вам:

- ✓ увеличить точность прочтений до 99,9%
- ✓ значительно снизить стоимость одного анализа
- ✓ существенно сократить время секвенирования



«Наношарики» ДНК

Секрет уникальной точности секвенирования MGI заключается в особой технологии подготовки библиотек: линейной амплификации по типу «катящегося кольца» с формированием «наношариков» конкатемеров ДНК. Такая технология исключает накопление ошибок ДНК-полимеразы, так как амплификация всегда происходит с исходной матрицы.

Смотрите видео о технологии MGI

[helicon.ru/method-MGI/Video](http://helicon.ru/method-MGI/Video)



## 1. Подготовка библиотек MGI



1.

Фрагментация ДНК и добавление адаптеров

2.

Циркуляризация фрагментов

3.

Амплификация по типу «катящегося кольца» (rolling circle amplification, RCA)

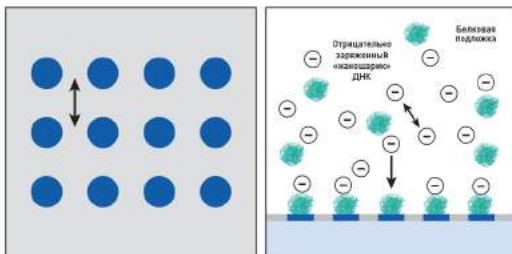
4.

Формирование «наношариков» одноцепочечной ДНК

5.

Нанесение библиотеки наношариков на проточную ячейку

## 2. Фиксация на упорядоченной проточной ячейке



Запатентованная проточная ячейка MGI покрыта заряженными участками, к которым за счет электростатических сил присоединяются «наношарики» ДНК. Благодаря строго упорядоченной структуре ячейки, к одному участку присоединяется только один «наношарик», что исключает возможность перекрытия флуоресцентных сигналов от разных фрагментов библиотеки и обеспечивает высокую интенсивность сигнала.

Проточная ячейка легко заполняется вручную, нет необходимости использовать автоматическую станцию пробоподготовки.

## 3. Секвенирование cPAS

Секвенирование ДНК происходит путём последовательных циклов гибридизации флуоресцентно меченных олигонуклеотидов с матрицей, присоединения специфичного нуклеотида и детекции флуоресцентного сигнала (**принцип cPAS – Combinatorial Probe-Anchor Synthesis**).

Постоянное совершенствование технологии позволяет достигать более высоких скоростей секвенирования и увеличения длины прочтений.

Синтез обратной цепи ДНК в случае парноконцевых прочтений (PE) проводится по технологии MDA – амплификации с множественным вытеснением цепи с использованием ДНК-полимеразы phi29. Использование MDA-реакции позволяет существенно сократить время работы прибора в режиме PE.



## MGISEQ-200



### Надёжный настольный секвенатор

#### ОСНОВНЫЕ ПРИЛОЖЕНИЯ

Секвенирование малых геномов, таргетное секвенирование, секвенирование транскриптома и малых РНК, пренатальная диагностика (в т.ч. ПГС, ПГД, НИПТ), идентификация личности.

#### СВОЙСТВА

- ✓ Гибкие настройки длины прочтений и быстрый запуск
- ✓ Удобный формат расходных материалов
- ✓ Встроенная лабораторная информационная система LIMS для отслеживания образцов

#### Технические характеристики MGISEQ-200

Длина прочтения	Проточная ячейка FCS (1 дорожка)	
	SE50	PE100
Среднее количество прочтений за запуск	300 млн	
Средняя производительность	15 Гб	60 Гб
Время секвенирования	15 ч	48 ч
Качество данных	Q30 ≥ 85%	

## MGISEQ-2000

### Полногеномный секвенатор

#### ОСНОВНЫЕ ПРИЛОЖЕНИЯ

Полногеномное секвенирование, секвенирование экзона, секвенирование транскриптома, метагеномный анализ, RNA-Seq, CHIP-Seq.

#### СВОЙСТВА

- ✓ Низкая стоимость одного анализа
- ✓ Настраиваемая длина прочтений, быстрый запуск, широкий спектр приложений
- ✓ Уникальное сочетание длинных прочтений SE400 и PE200 и высокой производительности



#### Технические характеристики MGISEQ-2000

	Количество ячеек за запуск	Проточная ячейка FCS (2 дорожки)			Проточная ячейка FCL (4 дорожки)				
		SE50	PE100	PE150	SE50	SE400	PE100	PE150	PE200
Длина прочтения									
Среднее количество прочтений за запуск	1	375 млн			1,8 млрд				
	2	750 млн			3,6 млрд				
Средняя производительность	1	18,75 Гб	75 Гб	112,5 Гб	90 Гб	640 Гб	360 Гб	540 Гб	640 Гб
	2	37,5 Гб	150 Гб	225 Гб	180 Гб	1280 Гб	720 Гб	1080 Гб	1280 Гб
Время секвенирования		16 ч	48 ч	72 ч	16 ч	104 ч	48 ч	72 ч	108 ч
Качество данных		Q30 ≥ 85%							

## Какой секвенатор подойдет именно вам?

Модель	MGI-200	MGI-2000	
Рекомендуемые приложения	Секвенирование малых геномов, таргентное секвенирование ДНК и РНК	Геномное, экзомное и транскриптомное секвенирование, метагеномика	
Тип проточной ячейки	FCS	FCS	FCL
Количество дорожек в ячейке	1	2	4
Максимальный выход за запуск	60 Гб	165 Гб	1280 Гб
Количество прочтений на 1 ячейку	300 млн	375 млн	1800 млн
Макс. длина прочтения	PE100	SE400, PE200	
Длительность секвенирования	< 48 часов (режим PE100)	< 48 часов (режим PE100)	
Стоимость данных	от 40 \$ / Гб	от 17 \$ / Гб	

## Основные преимущества секвенаторов BGI:

### ПРОВЕРЕННАЯ ТЕХНОЛОГИЯ

на секвенаторах BGI отсеквенировано:

- >30 000 человеческих геномов
- >10 млн клинических образцов, в т.ч. –2,8 млн неинвазивных пренатальных тестов (NIPT)

### ВЫСОКАЯ ТОЧНОСТЬ ПРОЧТЕНИЙ

репликация по типу «катящегося кольца» в процессе клональной амплификации позволяет:

- исключить накопление ошибок ДНК-полимеразы
- повысить точность прочтений до 99,9%

### ВЫСОКОЕ КАЧЕСТВО ДАННЫХ

подтверждается публикациями в ведущих референсных журналах

[Подробнее на сайте bgi.com](http://bgi.com)

### СКОРОСТЬ

<48 часов для секвенирования в режиме PE100

### НИЗКАЯ СТОИМОСТЬ ДАННЫХ

- от 40\$/Гб для MGISEQ-200
- от 17\$/Гб для MGISEQ-2000

### ПРОИЗВОДИТЕЛЬНОСТЬ

- до 60 Гб данных за запуск на MGISEQ-200
- до 1280 Гб данных – на MGISEQ-2000

### ГИБКОСТЬ

подбирайте реагенты и настройки под различные приложения:

- одно/парноконцевые прочтения
- различная длина прочтений

### ПРОСТОТА ПРИБОПОДГОТОВКИ

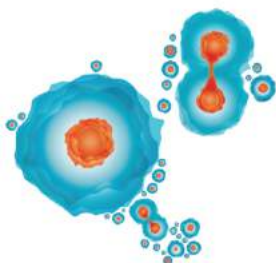
проточная ячейка легко заполняется вручную, автоматическая станция пробоподготовки не обязательна

### СЕРВИС

высококвалифицированная русскоязычная техническая поддержка

Выберите набор для подготовки библиотек на сайте [helicon.ru/ngs\\_reagents](http://helicon.ru/ngs_reagents)

- Полногеномное секвенирование (WGS)
- Полноэкзомное секвенирование (WES)
- Секвенирование тотальной РНК / мРНК
- Секвенирование малых РНК
- Бисульфитное секвенирование
- Метагеномика
- RAD-секвенирование



**helicon**

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