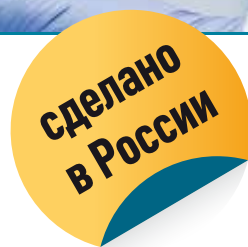


Генетический анализатор НАНОФОР 05

первый серийный отечественный секвенатор ДНК открытого типа



ОТКРЫТЫЙ

7-ЦВЕТНЫЙ

8-КАПИЛЛЯРНЫЙ

КОМПЛЕКТУЕТСЯ РОССИЙСКИМИ РЕАГЕНТАМИ

Генетический анализатор НАНОФОР 05

Технические и пользовательские характеристики

Количество капилляров	8
Формат планшета	96 x 0,2 мл
Количество каналов детекции флуоресценции	7 (Мировой рекорд!)
Лазер	твердотельный
Мощность лазера	110 мВт
Длина волны лазера	488 нм
Диапазон напряжения	0,1 – 20 кВ
Диапазон и точность поддержания температуры	30-70 °С (+/- 0,03 °С)
Возможность отключения термостатов	да
Длина прочтения	до 1200 нуклеотидов
Время стандартного фрагментного анализа до 450 нуклеотидов	30 минут
Время секвенирования фрагментов длиной до 1000 нуклеотидов	не более 100 минут
Точность секвенирования	не хуже 98 % при длине фрагментов до 1000 нуклеотидов
Масса	47 кг
Габариты, ШхГхВ	630 x 600 x 630 мм
Потребляемая мощность	300 Вт
Напряжение и частота сети	190-240 В; 50-60 Гц
Требования к компьютеру	USB; не ранее Windows 7
Требования к внешним условиям	температура 15-30°С, влажность 20-80 %
Открытость системы	да, полностью открытая система, позволяющая работать с реагентами других производителей
Программное обеспечение	русскоязычное
Возможность работы с программами других производителей	да, автоматическая конвертация данных в форматы .ab1, .fsa
Гарантийный срок обслуживания	2 года
Наличие регистрационного удостоверения Росздравнадзора	РУ № РЗН 2015/ 3474 от 28 декабря 2015 года

- Обучение секвенированию и фрагментному анализу в группах и индивидуально
- Пуско-наладка оборудования
- Консультации специалистов
- Бесплатное обновление программного обеспечения
- Быстрый и доступный по цене сервис
- Разработка наборов реагентов под задачи заказчиков
- Экономически выгодные отечественные реагенты
- Приборы «резерва» для замены в экстренных случаях
- Организация и проведение «круглых столов» для пользователей

В России и ближнем зарубежье работают несколько десятков приборов Нанофор 05

Нанофор 05 - оригинальная разработка российских учёных

Патент РФ № 2145078

Серийное производство в России с 2015 года

Компания «Синтол» выражает благодарность Министерству образования и науки РФ за финансовую поддержку при создании прибора Нанофор 05

Генетический анализатор НАНОФОР 05

Программное обеспечение прибора Нанофор 05

№	НАЗВАНИЕ ПО	ФУНКЦИЯ
1	Программа управления прибором «Нанофор 05»	Позволяет с помощью готовых протоколов: • управлять прибором — проводить пространственную и спектральную калибровки, электрофорез сиквенсных реакционных смесей, продуктов ПЦР и геномных библиотек; • проводить сервисное обслуживание — замену капилляров, замену полимера, удаление пузырей, консервацию и подготовку к работе.
2	Программа анализа последовательности ДНК «ДНК Анализ»	Проводит преобразование пиков сиквенсной реакционной смеси в последовательность ДНК. Автоматически конвертирует данные в формат *.ab1, что позволяет проводить аналогичный анализ в пакете Sequencing Analysis (ThermoFisher Scientific).
3	Программа фрагментного анализа ДНК «ДНК ФА»	Проводит анализ длин фрагментов ДНК с использованием различных стандартов длин, а также количества коротких tandemных повторов с использованием аллельных лестниц, панелей бинов и аллелей. Автоматически конвертирует данные в формат *.fsa, что позволяет проводить аналогичный анализ в пакетах GeneMapper (ThermoFisher Scientific), PeakScanner (ThermoFisher Scientific) и т.п.
4	Программа анализа и редактирования результатов секвенирования ДНК «ПАР ² СЕК»	Предназначена для сравнительного анализа и редактирования последовательностей ДНК.

Сравнение технических и пользовательских характеристик приборов Нанофор 05 и 3500 Genetic Analyzer

Наименование, значение	Нанофор 05	3500 Genetic Analyzer
Количество капилляров	8	8
Количество каналов детекции	7	6
Длина волны лазера, нм	488	505
Диапазон длин детекции флуоресценции, нм	510 - 710	525 - 650
Мощность лазера, мВт	110	25
Диапазон напряжения, кВ	0,1 - 20	0,1 - 19
Диапазон и точность поддержания температуры, °С	30 - 70 (± 0,03)	18 - 70 (± 1)
Возможность работы в неденатурирующих условиях	ДА	НЕТ
Открытость системы	ДА	НЕТ, RFID
Время готовности к работе после запуска, мин.	5	30
Вес, кг	47	82
Потребляемая мощность, Вт	300	1000
Габариты, Ш x Г x В, мм	630 x 600 x 630	610 x 610 x 720
Русскоязычное программное обеспечение	ДА	НЕТ
Гарантия	2 года	1 год

Сравнение качества секвенирования в области 500-600 нуклеотидов приборов Нанопор 05 и 3500 Genetic Analyzer



Прибор - Нанопор 05,
Длина капилляров - 50 см,
Полимер - ПДМА-6,
Программа обработки данных -
«ДНК Анализ», версия 5.0.2.5

Прибор — 3500 Genetic Analyzer
Длина капилляров - 50 см,
Полимер - ROP7,
Программа обработки данных —
Sequencing Analysis, v.5.4

Synthetic construct BigDye Terminator Cycle Sequencing Standard sequence
Sequence ID: AY390769.1 Length: 1000 Number of Matches: 1

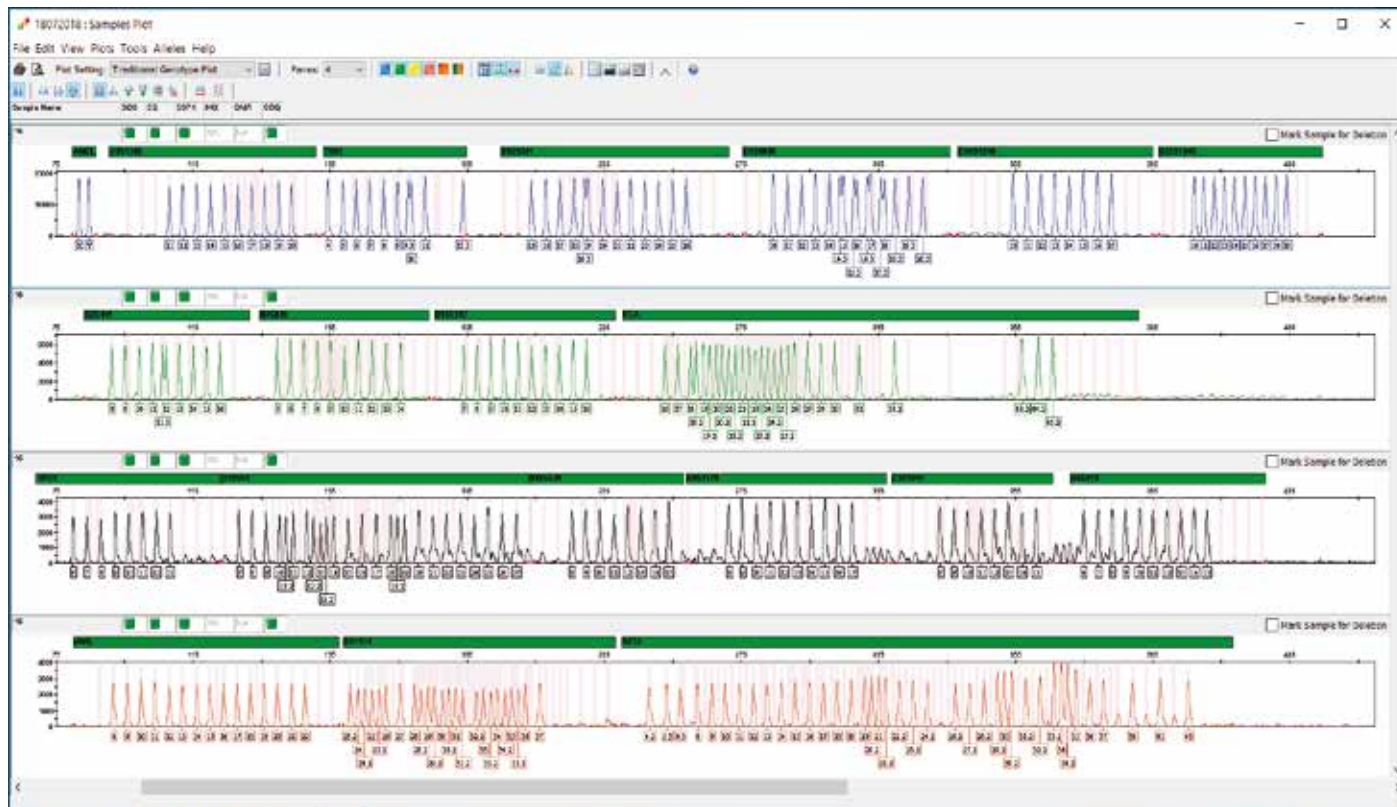
Range 1: 26 to 956	Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
	1657 bits(897)	0.0	924/935(99%)	9/935(0%)	Plus/Plus
Query 35	CCTGGATGATTACTGTTAACTGTTGCTACTGCTGCAATGCTGCTGCTCTCT				94
Subject 26	CCTGGATTA-TGA-TTACTGTTAACTGTTGCTACTGCTGCAATGCTGCTGCTCTCT				83
Query 95	CCTCACTGCTCCACTTCTTGAACATGCGCCGTCATGCTCTTTTGGCTCCCGCTGCT				154
Subject 84	CCTCACTGCTCCACTTCTTGAACATGCGCCGTCATGCTCTTTTGGCTCCCGCTGCT				143
Query 155	CGAAGAGCTAGGCCGAGATCAGAACACCACTGATCAATACCACTCTCTCTTATGA				214
Subject 144	CGAAGAGCTAGGCCGAGATCAGAACACCACTGATCAATACCACTCTCTCTTATGA				203
Query 215	GATTCGGAATCTCATGATAGGGCTCAGGCTCTGTGCGAGTGGAGAGAGTTTCAGAGCG				274
Subject 204	GATTCGGAATCTCATGATAGGGCTCAGGCTCTGTGCGAGTGGAGAGAGTTTCAGAGCG				263
Query 275	AGCTGAGAGCAATTCAGAGTATGATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				334
Subject 264	AGCTGAGAGCAATTCAGAGTATGATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				323
Query 335	AGGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				394
Subject 324	AGGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				383
Query 395	ACTGGAATGCTCAATATGCGCAATCAATATTCCTAAGGCTGATGCTGCTGCTGCTGCT				454
Subject 384	ACTGGAATGCTCAATATGCGCAATCAATATTCCTAAGGCTGATGCTGCTGCTGCTGCT				443
Query 455	GGAGAGAGCAAGATACGATCTATAGAGATAGAGATAGATAGAGATAGATAGAGATAG				514
Subject 444	GGAGAGAGCAAGATACGATCTATAGAGATAGAGATAGATAGAGATAGATAGAGATAG				503
Query 515	TATTCGGAATTAAGGCAATCAGAGCAATATATGCTTGTATCTTTTCTGCTCTCT				574
Subject 504	TATTCGGAATTAAGGCAATCAGAGCAATATATGCTTGTATCTTTTCTGCTCTCT				563
Query 575	CTTCATTACCACTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				634
Subject 564	CTTCATTACCACTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				623
Query 635	TATTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				694
Subject 624	TATTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				683
Query 695	GTAAATGCGAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGAT				754
Subject 684	GTAAATGCGAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGAT				743
Query 755	TACAGAGAGCAAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAG				814
Subject 744	TACAGAGAGCAAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAG				803
Query 815	TTTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				874
Subject 804	TTTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				863
Query 875	AGTATTTA-TTTTACTTAATCTAAATTTTGTGTT-ACATCAAGGCGCACTTCAAC				932
Subject 863	AGTATTTA-TTTTACTTAATCTAAATTTTGTGTT-ACATCAAGGCGCACTTCAAC				921
Query 933	CAATACCCCA-TGTTT-ATCCATGAG-TGACCTT				964

Synthetic construct BigDye Terminator Cycle Sequencing Standard sequence
Sequence ID: AY390769.1 Length: 1000 Number of Matches: 1

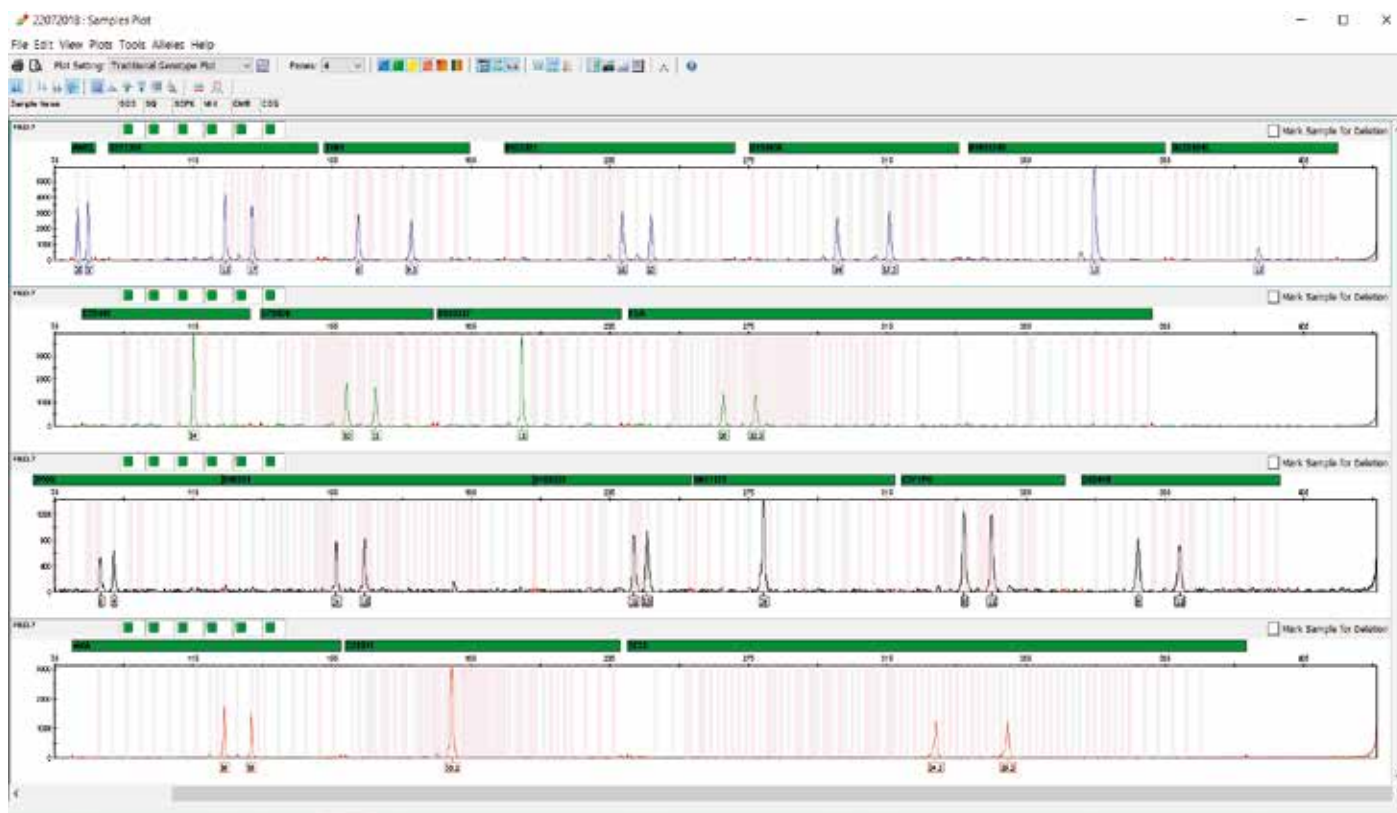
Range 1: 26 to 956	Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
	1674 bits(906)	0.0	923/932(99%)	5/932(0%)	Plus/Plus
Query 19	CCTGG-TTGAATTACTGTTAACTGTTGCTACTGCTGCAATGCTGCTGCTCTCTCT				77
Subject 26	CCTGGTATGATTACTGTTAACTGTTGCTACTGCTGCAATGCTGCTGCTCTCTCT				85
Query 78	TCACGTGCTCCACTTCTTGAACATGCGCCGTCATGCTCTTTTGGCTCCCGCTGCT				137
Subject 86	TCACGTGCTCCACTTCTTGAACATGCGCCGTCATGCTCTTTTGGCTCCCGCTGCT				145
Query 138	AGAAAGCTAGGCCGAGATCAGAACACCACTGATCAATACCACTCTCTCTTATGA				197
Subject 146	AGAAAGCTAGGCCGAGATCAGAACACCACTGATCAATACCACTCTCTCTTATGA				205
Query 198	TTGGAATCTCATGATAGGGCTCAGGCTCTGTGCGAGTGGAGAGAGTTTCAGAGCG				257
Subject 206	TTGGAATCTCATGATAGGGCTCAGGCTCTGTGCGAGTGGAGAGAGTTTCAGAGCG				265
Query 258	CTGAGAGCAATTCAGAGTATGATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				317
Subject 266	CTGAGAGCAATTCAGAGTATGATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				325
Query 318	GAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				377
Subject 326	GAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				385
Query 378	TGGAATGCTCAATATGCGCAATCAATATTCCTAAGGCTGATGCTGCTGCTGCTGCT				437
Subject 386	TGGAATGCTCAATATGCGCAATCAATATTCCTAAGGCTGATGCTGCTGCTGCTGCT				445
Query 438	AGAGAGAGCAAGATACGATCTATAGAGATAGAGATAGATAGAGATAGATAGAGATAG				497
Subject 446	AGAGAGAGCAAGATACGATCTATAGAGATAGAGATAGATAGAGATAGATAGAGATAG				505
Query 498	TTCTGGATTAAGGCAATCAGAGCAATATATGCTTGTATCTTTTCTGCTCTCT				557
Subject 506	TTCTGGATTAAGGCAATCAGAGCAATATATGCTTGTATCTTTTCTGCTCTCT				565
Query 558	CTTACCACTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				617
Subject 566	CTTACCACTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				625
Query 618	TATTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				677
Subject 626	TATTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				685
Query 678	TAAATGCGAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGAT				737
Subject 686	TAAATGCGAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGAT				745
Query 738	CAGAGAGCAAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAG				797
Subject 746	CAGAGAGCAAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAG				805
Query 798	TATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				857
Subject 806	TATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT				865
Query 858	ATTAT-TTTTACTTAATCTAAATTTTGTGTT-ACATCAAGGCGCACTTCAACCA				915
Subject 866	ATTAT-TTTTACTTAATCTAAATTTTGTGTT-ACATCAAGGCGCACTTCAACCA				924
Query 916	TACTCT-ATGTTTATCCATGAGCTGCTT				946
Subject 923	TACTCTAATGTTTATCCATGAGCTGCTT				956

Аллельные лестницы, полученные на приборе Нанофор 05 с помощью наборов ведущих производителей реагентов для криминалистики

- 1 Аллельная лестница из набора **COrDIS Expert v4, ООО «Гордиз» (Россия)**.
Длина капилляров 36 см, полимер ПДМА-4, общее время анализа 8 образцов - 30 минут.

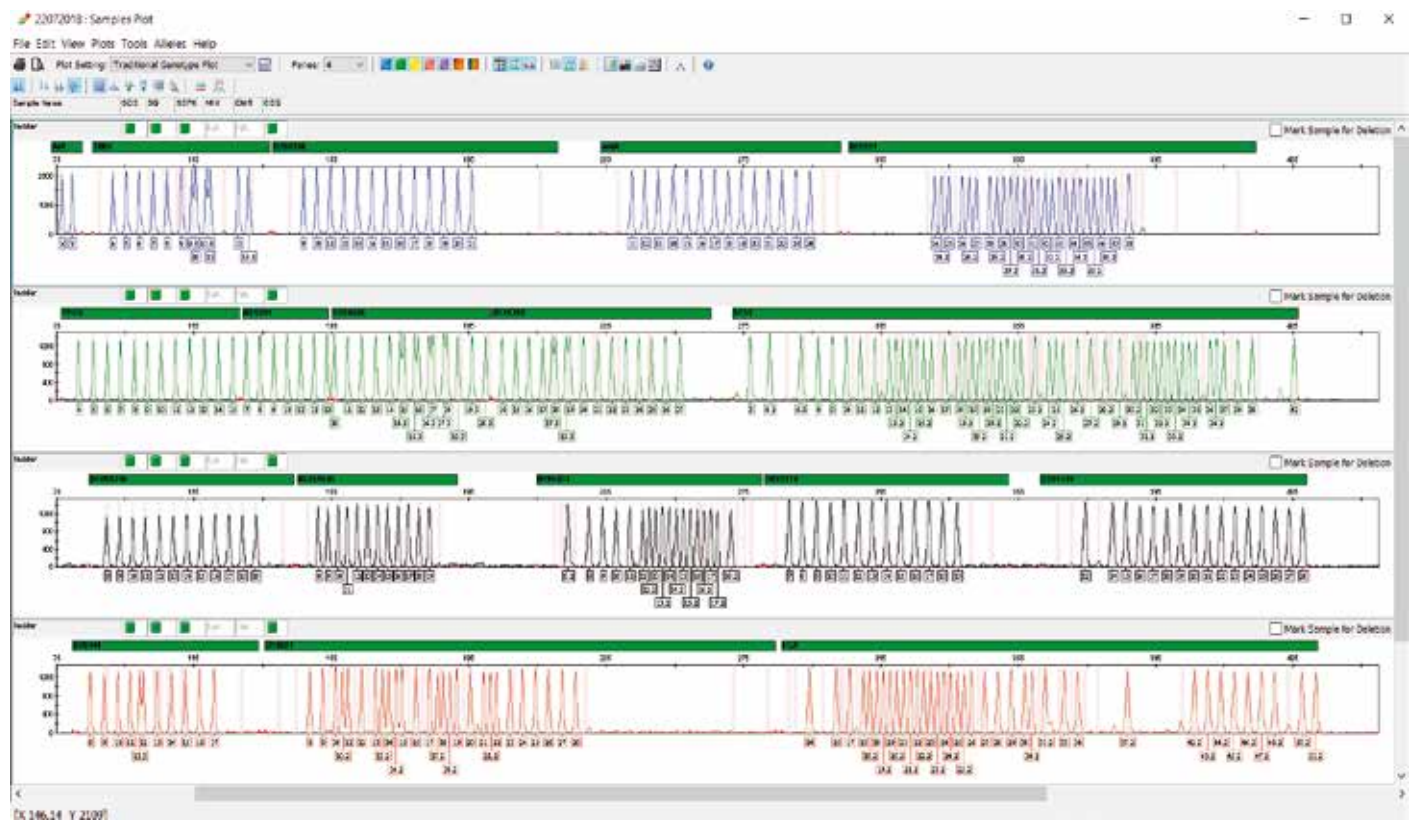


Положительный контрольный образец из набора COrDIS Expert v4, ООО «Гордиз» (Россия).



КРИМИНАЛИСТИКА

- 2** Аллельная лестница из набора **Investigator 24plex QS kit, Qiagen (Германия)**.
Длина капилляров 36 см, полимер ПДМА-4, общее время анализа 8 образцов - 30 минут.

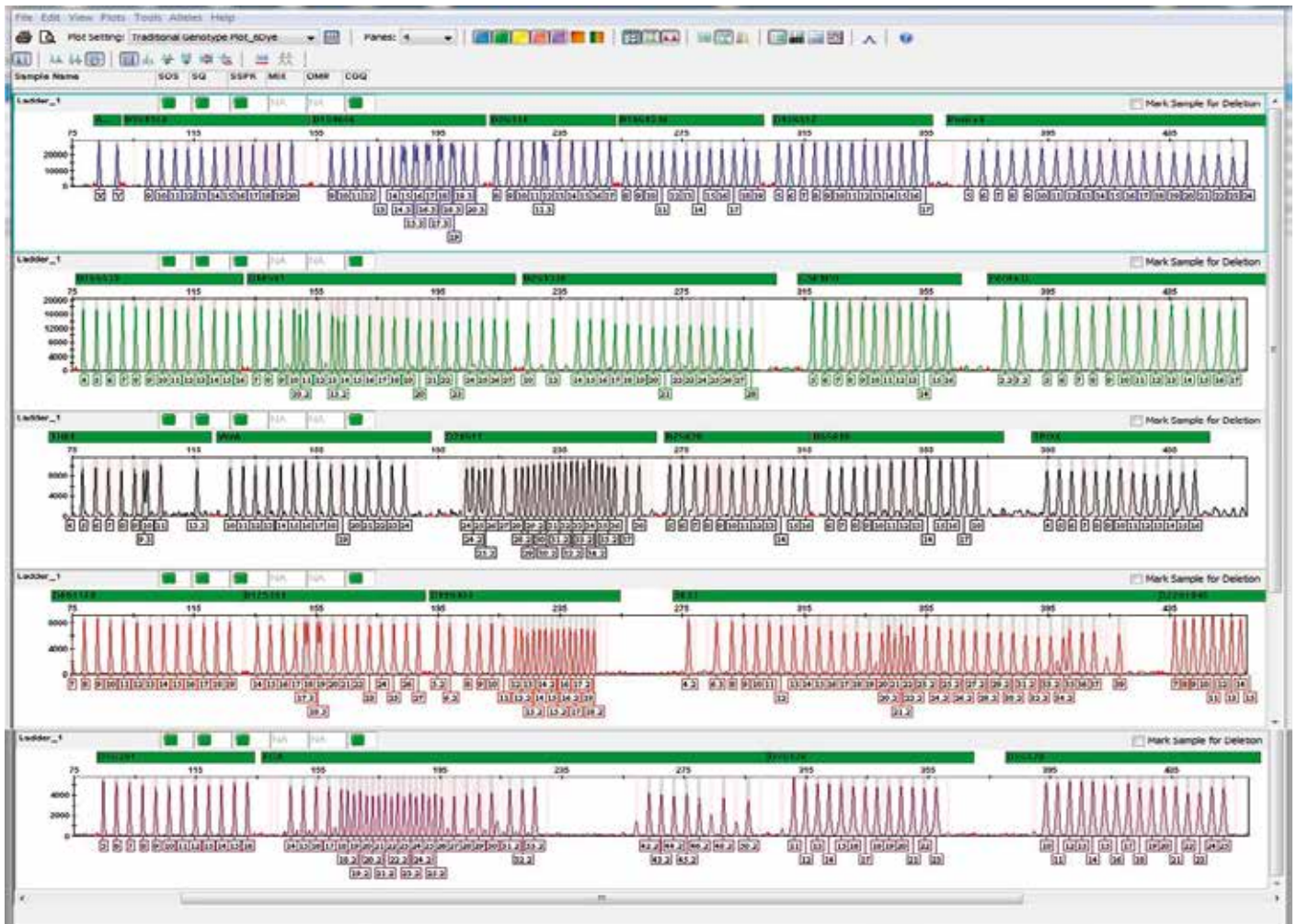


- 3** Аллельная лестница из набора **GlobalFiler PCR Amplification kit, Thermo Fisher Scientific (США)**.
Длина капилляров 36 см, полимер ПДМА-4, общее время анализа 8 образцов - 30 минут.



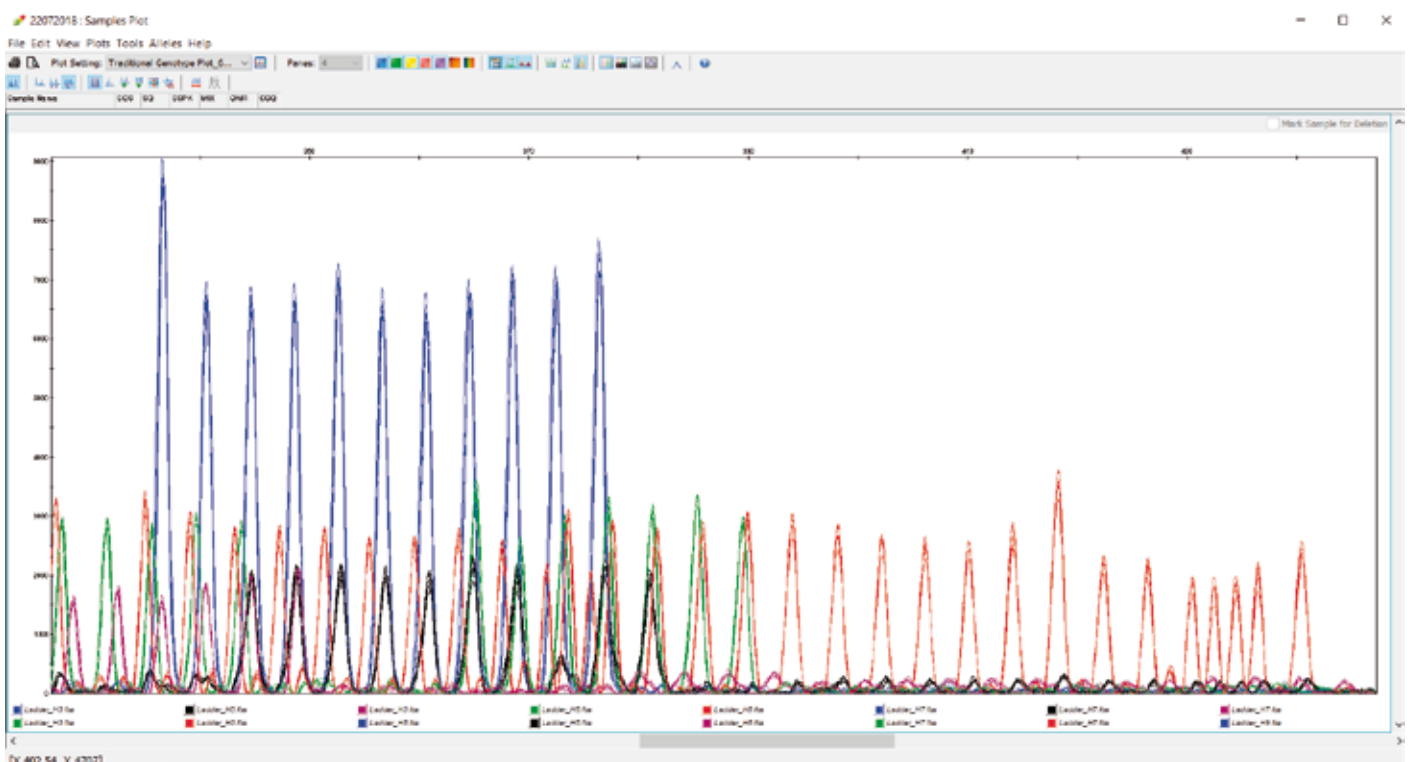
4 Аллельная лестница из набора **PowerPlex Fusion 6C System, Promega (США)**.

Длина капилляров 36 см, полимер ПДМА-4, общее время анализа 8 образцов - 30 минут.



Высокая воспроизводимость анализа на генетическом анализаторе Нанофор 05.

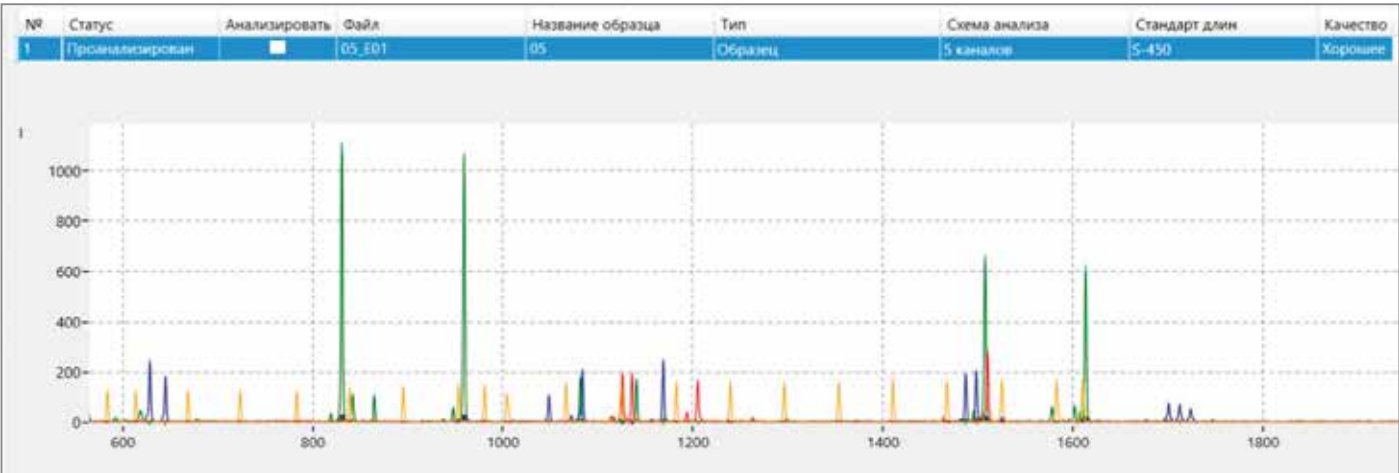
Фрагмент наложения 5 аллельных лестниц из набора **GlobalFiler PCR Amplification kit, ThermoFisher Scientific (США)**



ПРЕНАТАЛЬНАЯ ДИАГНОСТИКА

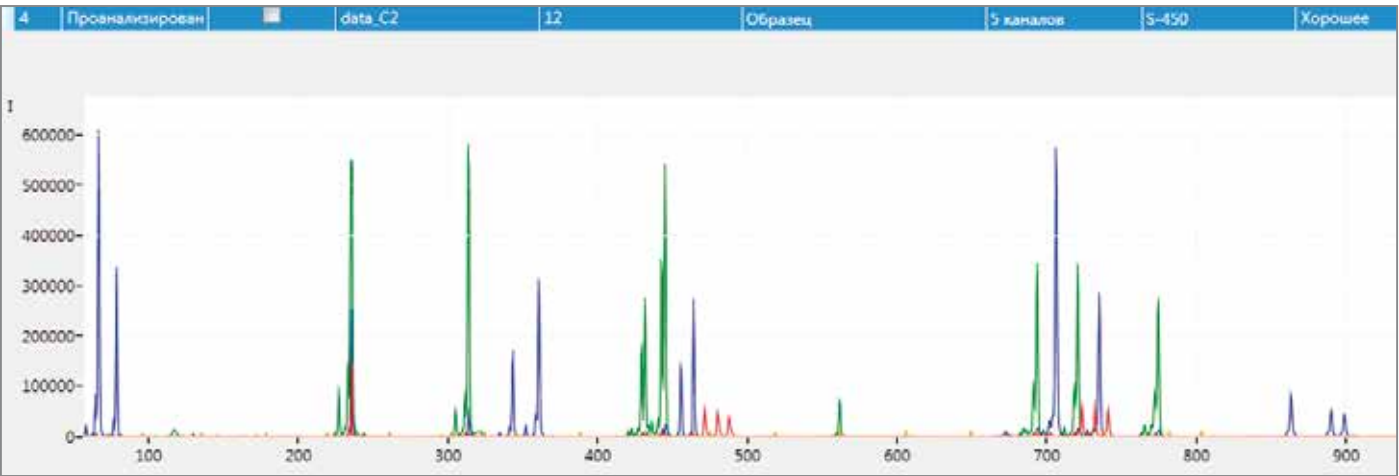
Диагностика трисомий

Электрофореграмма разделения продуктов амплификации исследуемой ДНК человека. Для локусов D21S1411 и IFNAR показано наличие трёх аллелей исследуемых маркеров. Выявлена трисомия по 21 хромосоме (синдром Дауна).



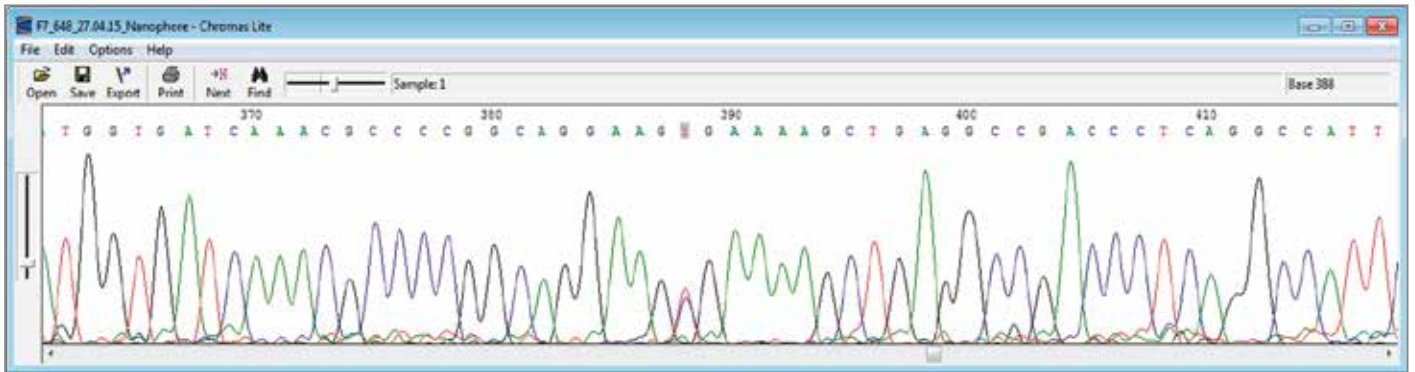
Диагностика трисомий

Электрофореграмма разделения продуктов амплификации исследуемой ДНК человека. Выявлена трисомия по половым хромосомам. Пол – ХХУ (синдром Клайнфельтера).

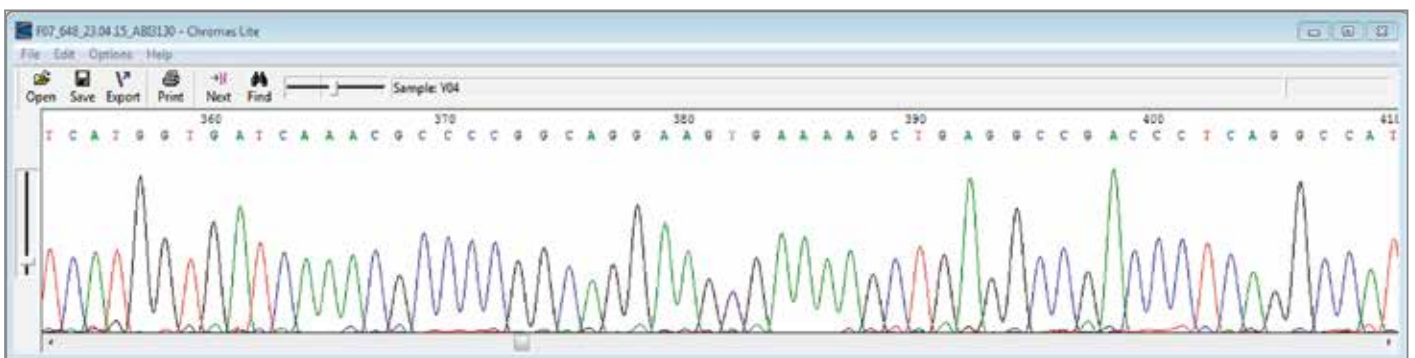


ДИАГНОСТИКА НАСЛЕДСТВЕННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

1 Выявление мутаций, вызывающих синдром Ретта Замена С>Т в положении p.R255X:

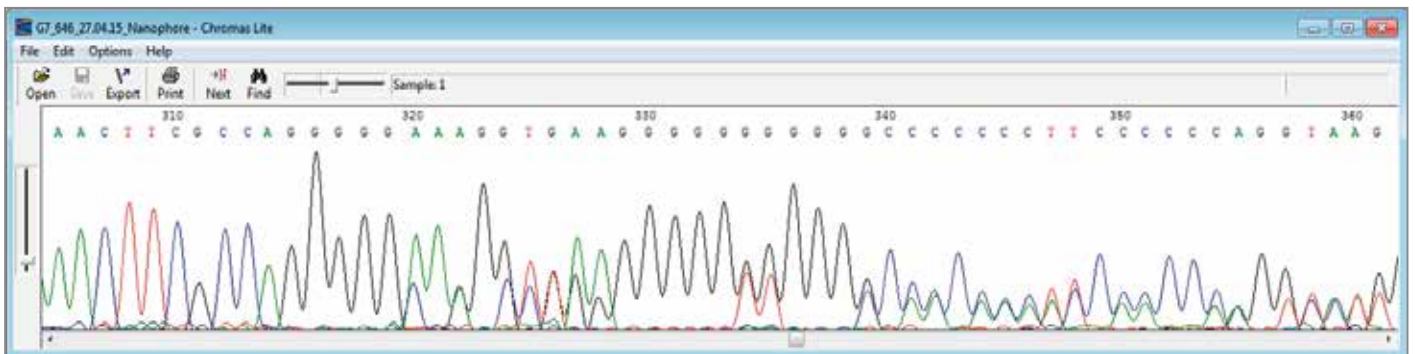


электрофореграмма, полученная на генетическом анализаторе НАНОФОР 05

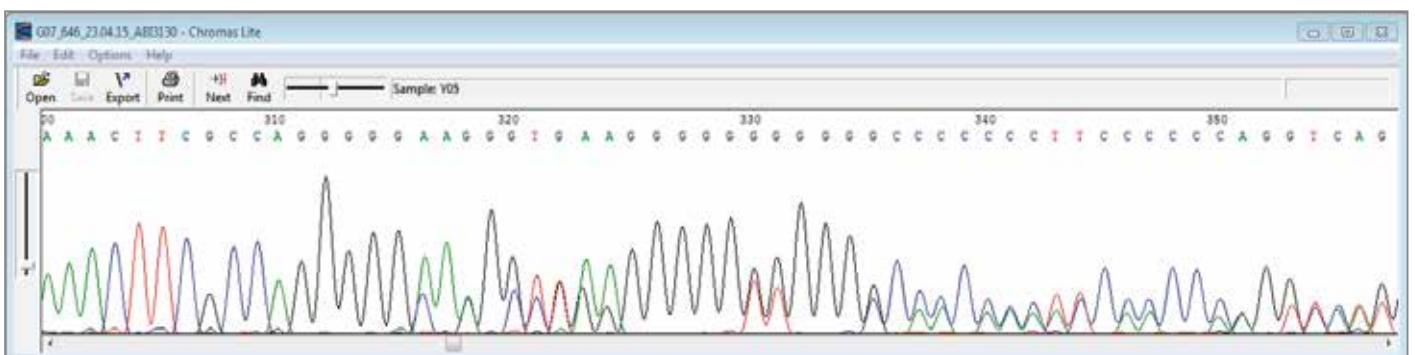


электрофореграмма, полученная на приборе ABI Prism 3130

Делеция del C в положении p.G232 fs:



электрофореграмма, полученная на генетическом анализаторе НАНОФОР 05



электрофореграмма, полученная на приборе ABI Prism 3130

2 Выявление мутаций, вызывающих болезнь Паркинсона



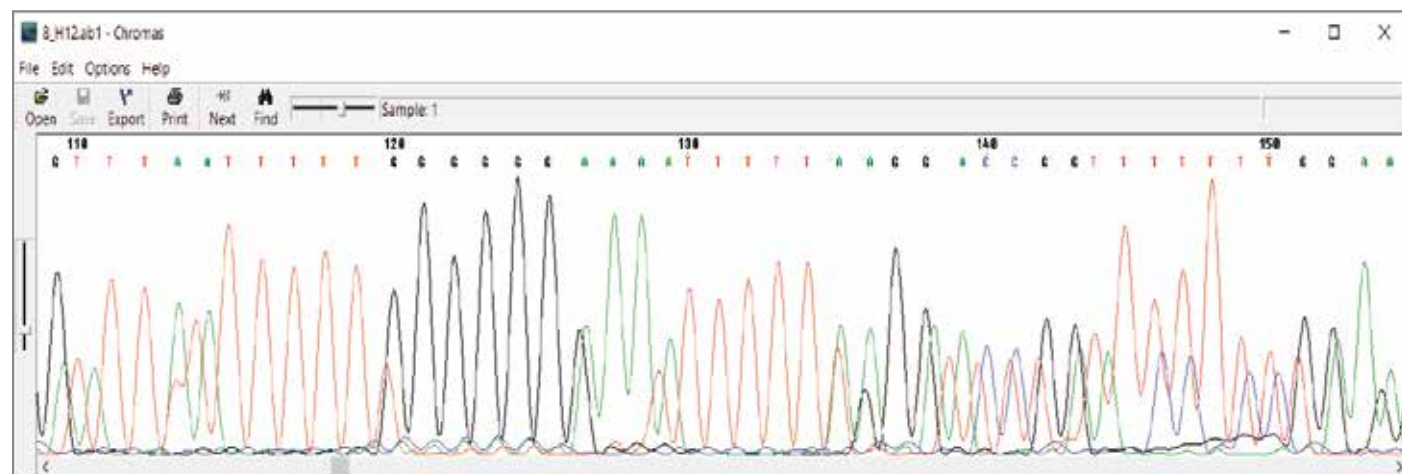
Электрофореграмма исследуемого образца, полученная с использованием набора SALSA MLPA P052-C2 (MRC Holland)

Онкология

Диагностика наследственной предрасположенности к онкологическим заболеваниям

Пример диагностики предрасположенности к раку молочной железы с использованием набора EasySeq PCR plates for BRCA1 and BRCA2 screening (Nimagen).

Мутации в 9 экзоне гена BRCA1.



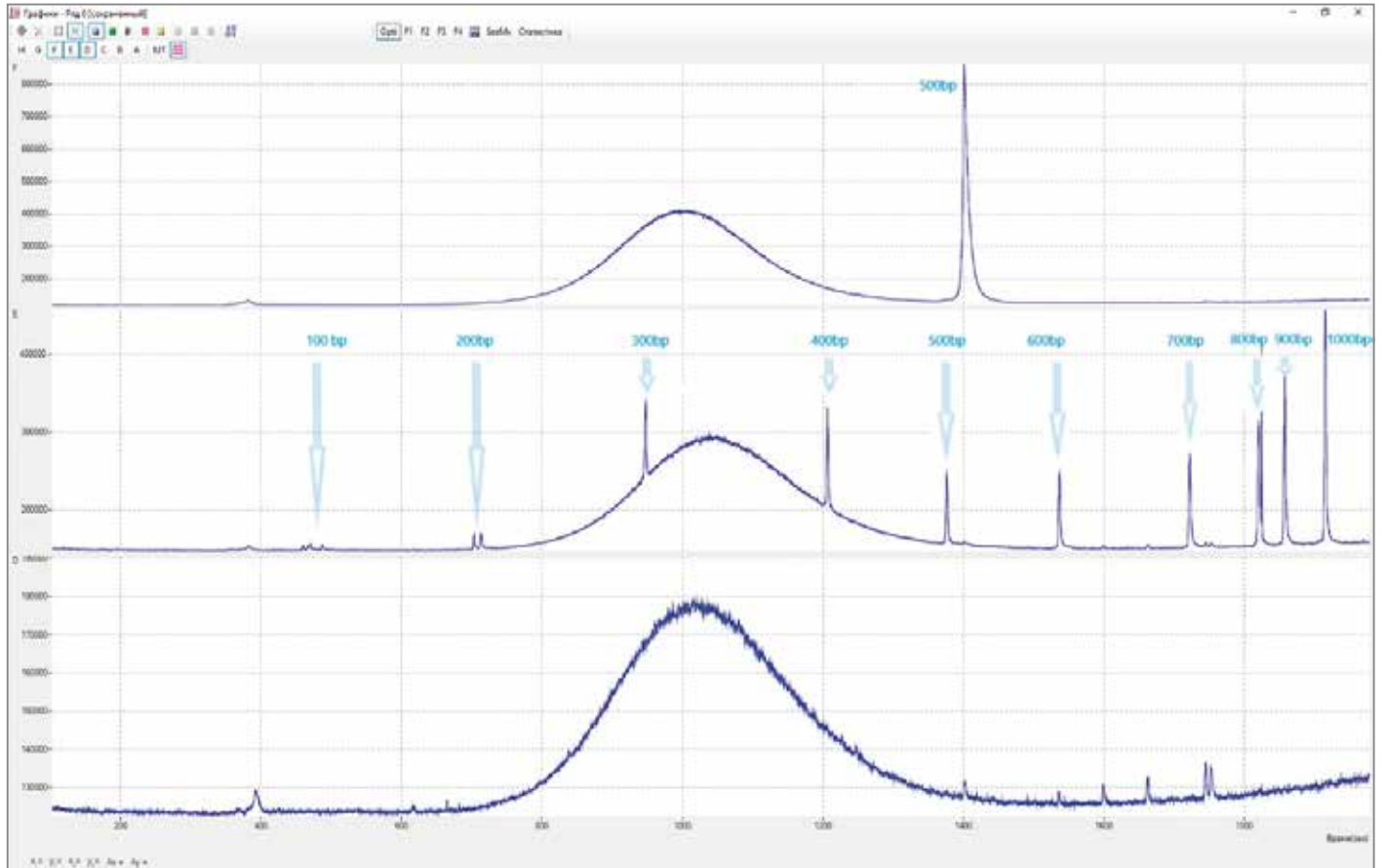
ОЦЕНКА КАЧЕСТВА ПОДГОТОВЛЕННЫХ БИБЛИОТЕК ДЛЯ NGS

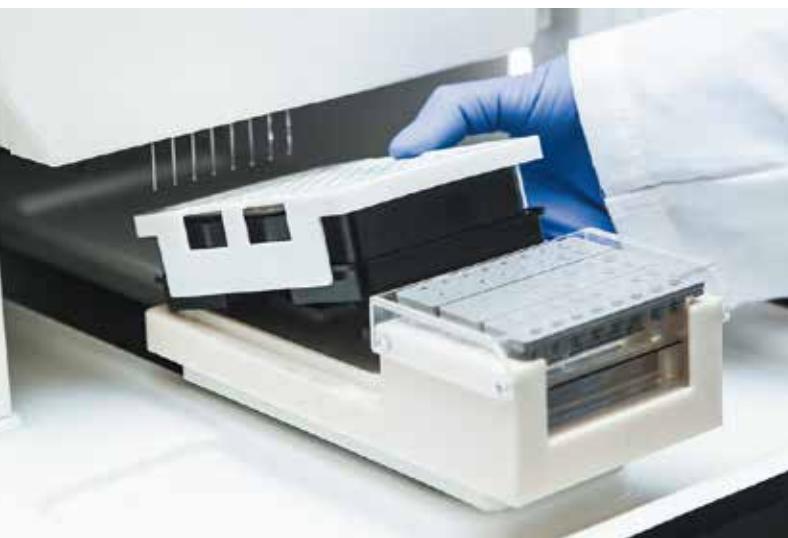
Пример успешной амплификации пула из 24 библиотек, проанализированного на приборе НАНОФОР 05 в неденатурирующих условиях.

Оценка распределения библиотек по длине (неврологическая панель) для таргетного секвенирования.

Пул библиотек находится в диапазоне 300-400 bp.

Библиотеки приготовлены с использованием набора SeqCap EZ (Roche) и KAPA (Illumina).





Компания «Синтол» проводит комплексное оснащение
молекулярно-генетических лабораторий.

Обучение секвенированию и фрагментному анализу ДНК
проводится в небольших группах или индивидуально на базе ООО «НПФ Синтол».



127550, Москва, Тимирязевская 42, т (495) 984-6993, т/ф (499) 977-7455

www.syntol.ru