



NextSeq 550 séria



NextSeq 1000/2000



NovaSeq 6000

Aplikácie a metódy

Sekvenovanie celých genómov (ľudských, rastlinných, zvieracích)

Sekvenovanie malých genómov

Exómové sekvenovanie

Cielené sekvenovanie génov (amplikón,

Profilovanie jednej bunky (scRNA-Seq, scDNA-Seq, oligo tagging assays)

Sekvenovanie transkriptómov (total RNA-Seq, mRNA-Seq, profilovanie génovej

Cielené profilovanie génovej expresie

Analýza miRNA & Small RNA

Analýza interakcie DNA - proteín

Metylačné sekvenovanie

16S metagenomika

Metagenomické profilovanie (shotgun metagenomika, metatranskriptomika)

Sekvenovanie voľne cirkulujúcej NK a

Hlavná aplikácia

Hlavná aplikácia

Hlavná aplikácia

	NextSeq 550 séria	NextSeq 1000/2000	NovaSeq 6000
Sekvenovanie celých genómov (ľudských, rastlinných, zvieracích)			•
Sekvenovanie malých genómov	•	•	•
Exómové sekvenovanie	•	•	•
Cielené sekvenovanie génov (amplikón,	•	•	•
Profilovanie jednej bunky (scRNA-Seq, scDNA-Seq, oligo tagging assays)	•	•	•
Sekvenovanie transkriptómov (total RNA-Seq, mRNA-Seq, profilovanie génovej	•	•	•
Cielené profilovanie génovej expresie	•	•	•
Analýza miRNA & Small RNA	•	•	•
Analýza interakcie DNA - proteín	•	•	•
Metylačné sekvenovanie	•	•	•
16S metagenomika	•	•	•
Metagenomické profilovanie (shotgun metagenomika, metatranskriptomika)	•	•	•
Sekvenovanie voľne cirkulujúcej NK a	•	•	•

~13 - 38 hodín (dual SP flow cells)

~13 - 25 hodín (dual S1 flow cells)

~16 - 36 hodín (dual S2 flow cells)

~44 hodín (dual S4 flow cells)

Čas sekvenovania

12 až 30 hodín

24 - 48 hodín

Maximálny výstup

120 GB

300 GB

6000 GB

Maximálny počet čítaní

400 miliónov

1 miliarda

20 miliard

Maximálna dĺžka čítania

2 x 150 bp

2 x 150 bp

2 x 250 **