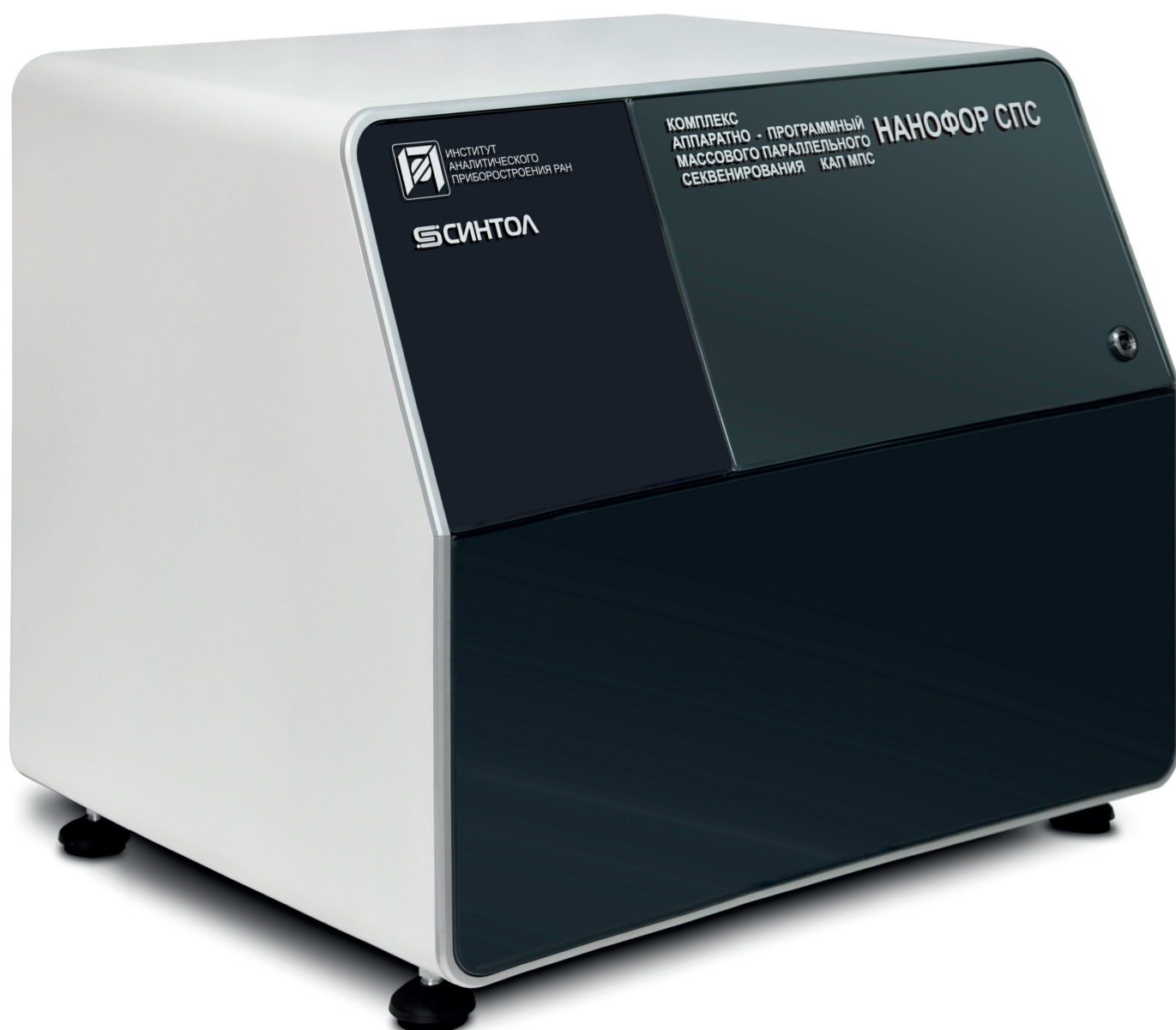


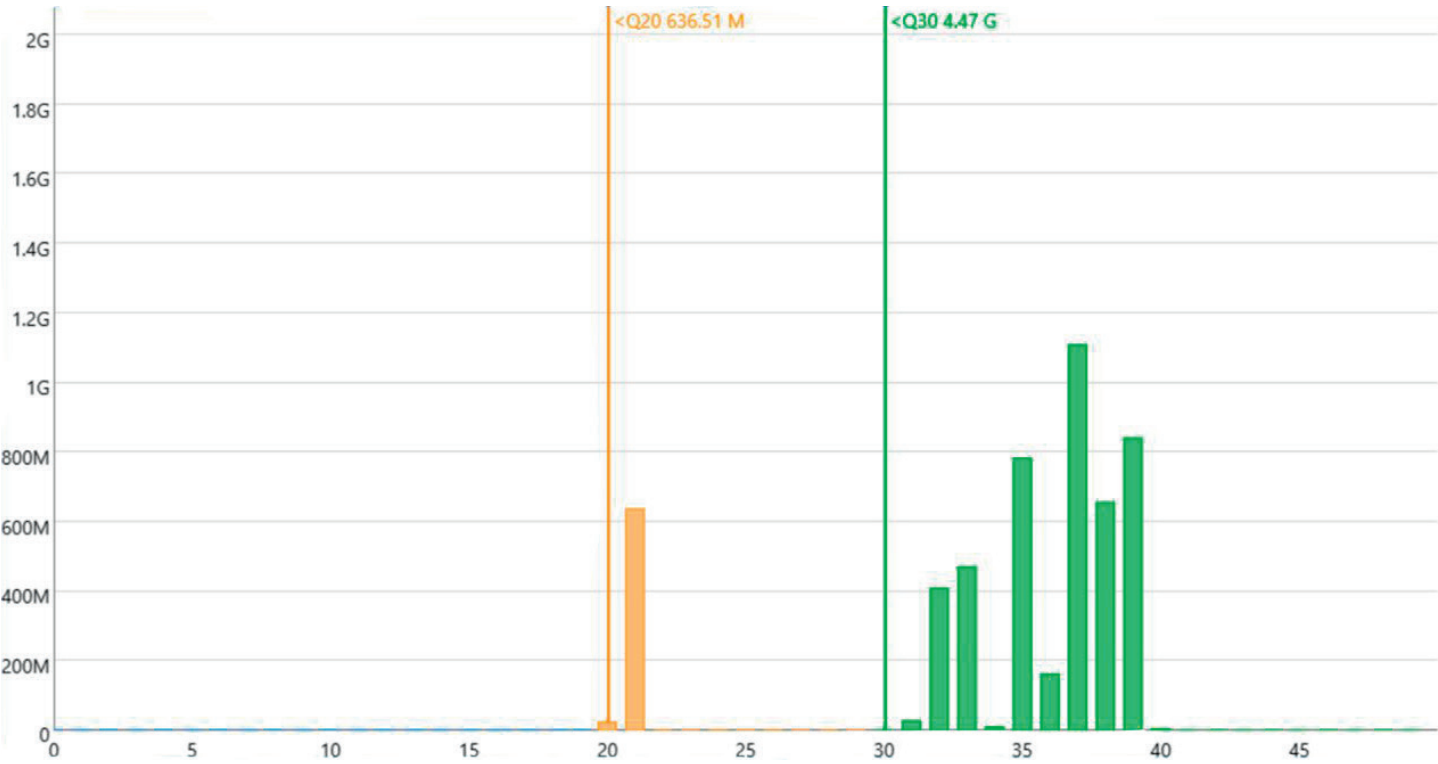
НАНОФОР СПС



Генетический анализатор
для массового параллельного
секвенирования



Гистограмма качества



Пример результатов запуска

Концентрация входной библиотеки	4-6 pM
Количество одиночных чтений	13.75 M
Плотность кластеров	856 K/mm²
Кластеров прошедших фильтрацию	99.2%
Длина последовательности R1	300
Длина последовательности R2	300
Получено нуклеотидов	7.04 G 7.09 G
Процент содержания GC	42.7%
Нуклеотидов с качеством >20	636.51 M
Нуклеотидов с качеством >30	4.47 G
Время работы	60 часов

Формат выходных данных	bcl, fastaq
Выбор количества полей зрения до 80 обеспечивает больший выход данных	

Реагенты для секвенирования путем синтеза

Набор для пробоподготовки	SyntEra-DNA
Набор для метагеномного секвенирования	Метаген-16sRNA

