



# Системы Ion S5 и Ion S5 XL

Таргетное секвенирование никогда не было проще

**ThermoFisher**  
SCIENTIFIC

# Представляем системы Ion S5 и Ion S5 XL

Сегодня внедрение секвенирования нового поколения в вашей лаборатории стало легче, чем когда либо.

Системы Ion S5™ и Ion S5™ XL обеспечивают простейшую процедуру таргетного секвенирования от образца ДНК до результатов, а также лучшие в отрасли скорость и экономичность. Теперь вы можете тратить меньше времени на выполнение лабораторной рутины и больше на поиск ответов на важные вопросы ваших исследований.

Хотите секвенировать небольшие панели генов или бактериальные геномы в понедельник, а экзомы и транскриптомы в среду? Новые системы Ion S5 и S5 XL дают возможность использовать единый настольный прибор, способный масштабировать свою производительность в зависимости от задач ваших исследований.

За 4 года с момента выхода на рынок технология Ion Torrent™ была процитирована в более чем 1,5 тыс. научных публикаций. Теперь вы можете развивать свои исследования, используя высокоцитируемую технологию и последнюю инновацию в области передового настольного секвенирования нового поколения: системы Ion S5 и Ion S5 XL.

## Системы Ion S5

- Система Ion S5—Простой рабочий процесс, быстрое секвенирование, средняя производительность
- Система Ion S5 XL—Простой рабочий процесс, более быстрый анализ данных, высокая производительность





«И это все? Все, что мне нужно сделать?  
Запускать его действительно просто».

**Susana Häggqvist,**  
Инженер-исследователь,  
Уппсальский Геномный Центр, Швеция



S означает...

# Simplicity (Простота)

**Подготовьте. Установите. Секвенируйте.**

Системы Ion S5 и Ion S5 XL работают на реактивах, полностью готовых к загрузке в секвенатор, что позволяет вам подготовить его к запуску за 15 минут.

Вы также можете легко отслеживать используемые системой реактивы и расходные материалы с помощью радиочастотной идентификации (RFID).

Установив систему Ion Chef™ в своей лаборатории, вы сможете автоматизировать подготовку библиотек и матриц, таким образом, затраты на ручной труд во всей процедуре анализа от ДНК до результатов составят не более 45 минут.



#### **Реактивы, упакованные в картриджи**

Менее 15 минут на подготовку прибора к запуску



#### **Система Ion Chef**

30 минут ручного труда в процессе подготовки библиотек и матриц



#### **Автоматическое отслеживание используемых реактивов**

Простая и точная регистрация с помощью радиочастотной идентификации (RFID)

S означает...

# Scalability (Масштабируемость)

**Один секвенатор.**

**Множество задач.**

Сфокусируйте свою научную работу на задачах, имеющих потенциал дать важный конечный результат.

Обе системы Ion S5 и Ion S5 XL поддерживают три различных типа чипов, что дает вам возможность решать множество различных задач на одном секвенаторе. Такая гибкость также означает, что вам больше не требуется накапливать образцы, чтобы достичь оптимальной экономичности анализа. Просто выберете чип, соответствующий задаче или вашим требованиям по производительности.

«Мне нужно иметь возможность менять количество образцов, анализируемых в неделю, без увеличения стоимости за образец. Если у нас есть меньшее количество образцов, то мы можем прогнать их на чипе с меньшей производительностью. Ion S5 XL обеспечивает такую гибкость».

**Dr. Jean François Laes**

Генеральный директор по технологии  
Компания OpcoDNA, Бельгия

## Область исследований

---



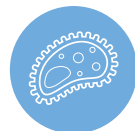
Исследования рака



Исследования наследственных заболеваний

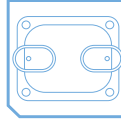


Скрининг для обнаружения анеуплоидий



Исследования инфекционных болезней

---

Задача исследования	Примеры популярных панелей	Количество образцов за запуск		
		 Чип Ion 520	 Чип Ion 530	 Чип Ion 540
Выявление специфичных для опухолей генетических перестроек, используя 10 нг ДНК из FFPE-образцов	Ion AmpliSeq Cancer Hotspot Panel v2 (50 генов)*	16	48	96
Обнаружение однонуклеотидных мутаций (SNV), изменений числа копий генов (CNV), а также химерных транскриптов за один запуск	OncoPrint™ Comprehensive Assay (143 гена)	1	4	8
Изучение полномасштабных профилей экспрессии генов с использованием 10 нг РНК из FFPE-образцов	Ion AmpliSeq Transcriptome Panel	-	2	8
Исследование известных мутации, связанных с метаболизмом лекарств.	Ion AmpliSeq Pharmacogenomics Research Panel (40 генов)†	96	384	Более 384‡
Проверка наличия казуативных мутаций для исследований специфических путей развития заболеваний	Ion AmpliSeq Cardiovascular Research Panel (424 гена)§	2	8	32
Обнаружение новых SNP, инсерции и делеции, а также CNV для исследования редких или неизвестных болезней с помощью полно-экзомного секвенирования	Ion AmpliSeq Exome RDY Panel	-	-	2
Высокопроизводительное выявление анеуплоидий и числа копий генов	-	24	96	384
Идентификация и генотипирование микроорганизмов с помощью геномного секвенирования**	-	12	48	96
Выявление мутаций, ассоциированных с устойчивостью к антибиотикам	Ion AmpliSeq TB Research Panel	36	144	384
Идентификация видов бактерий в смешанных образцах	Ion 16S™ Metagenomics Kit	48	192	384

\*Подразумевается покрытие 1000x. †Подразумевается покрытие 400x. ‡При наличии >384 штрих-кодов. §При покрытии 175x.

\*\*Подразумевается геном бактерии размером 5 млн п.н. с покрытием 30x. При прочтении 400 п.н. для чипов Ion 520/530™ и 200 п.н. для чипа Ion 540™.

S означает...

# Speed (Скорость)

**Потому что каждый час на счету.**

Несколько часов могут все изменить в процессе поиска верного ответа.

В отличие от других секвенаторов, использующих свет, в технологии полупроводникового секвенирования не применяется сложная оптика или флуоресцентно-меченные нуклеотиды. Системы Ion S5 являются единственными настольными NGS-платформами, запуск которых длится всего 2,5 часа, и с помощью которых полный анализ от ДНК до результатов можно завершить за 24 часа.



**Длительность запуска секвенирования от 2 до 4 часов**

- От ДНК до результатов всего за 24 часа



«Скорость очень важна для нашего сервиса. Но также важна и возможность анализа 8-12 экзомов в день без необходимости объединения их в большие партии. Ion S5 XL дает нам обе возможности».

**Dr. Sara Alvarez**  
Медицинский директор,  
Компания NIMGenetics, Испания



S означает...

# Small sample input

(Минимальное количество образца)

**Потому что каждый образец является важным.**

Исследуйте сложные процессы, используя деградированные образцы или образцы с небольшим количеством материала, с помощью технологии Ion AmpliSeq™, позволяющую вам создавать библиотеки, имея всего лишь несколько наногамм ДНК или РНК низкого качества.

Эта технология была процитированна в сотнях научных публикаций всего за три года. Вы можете положиться на эту столь высоко оцененную учеными технологию для получения воспроизводимого и надежного результата при создании библиотек.



**10 нг ДНК  
или РНК**

Для образцов низкого качества и с небольшим количеством материала



S означает...

# Simple data analysis and storage

(Простой анализ и хранение данных)

От сырых данных до списка мутаций всего несколько нажатий кнопки мыши.

Вне зависимости от того, являетесь ли вы новичком или опытным пользователем в секвенировании нового поколения, программное обеспечение Torrent Suite™ и Ion Reporter™ поможет вам легко начать работу.



## Первичный анализ:

- Планирование, мониторинг, отслеживание и анализ запусков вашего секвенатора в программе Torrent Suite

## Вторичный анализ:

- Объединение, аннотация и интерпретация мутаций в программе Ion Reporter
- В зависимости от ваших задач, доступны облачная и локальная версии ПО

## Хранение данных

- Безопасное хранение или работа с сырыми данными и обработанными результатами секвенирования с помощью систем для хранения Torrent Suite или решений DataSafe™

S означает...

# СИСТЕМЫ Ion S5

**Ion S5 System**



Простой рабочий процесс для анализа панелей генов, микробных геномов, экзонов и транскриптомов

**Ion S5 XL System**



Простой и быстрый рабочий процесс для анализа панелей генов, микробных геномов, экзонов и транскриптомов

		Чип Ion 520	Чип Ion 530	Чип Ion 540	Чип Ion 520	Чип Ion 530	Чип Ion 540
Количество прочтений		3–5 млн	15–20 млн	60–80 млн	3–5 млн	15–20 млн	60–80 млн
Производительность <sup>§</sup> (пары нуклеотидных остатков, п.н.)	200 п.н.	0,6–1 млрд п.н.	3–3,5 млрд п.н.	10–15 млрд п.н.	0,6–1 млрд п.н.	3–3,5 млрд п.р.	10–15 млрд п.н.
	400 п.н.	1,2–2 млрд п.н.	6–7,2 млрд п.н.	—	1,2–2 млрд п.н.	6–7,2 млрд п.н.	—
Длительность запуска	200 п.н.	2,5 ч.	2,5 ч.	2,5 ч.	2,5 ч.	2,5 ч.	2,5 ч.
	400 п.н.	4 ч.	4 ч.	—	4 ч.	4 ч.	—
Длительность анализа <sup>††</sup>	200 п.н.	5 ч.	8 ч.	16,5 ч.	1 ч.	2,5 ч.	5 ч.
	400 п.н.	8 ч.	17,5 ч.	—	2 ч.	4 ч.	—

<sup>§</sup>Ожидаемая производительность с измеренной по выравниванию точностью >99%. Производительность зависит от длины прочтений и исследовательской задачи. <sup>††</sup>Время обработки данных до получения выровненных BAM-файлов.

# Сервисное обслуживание и техническая поддержка

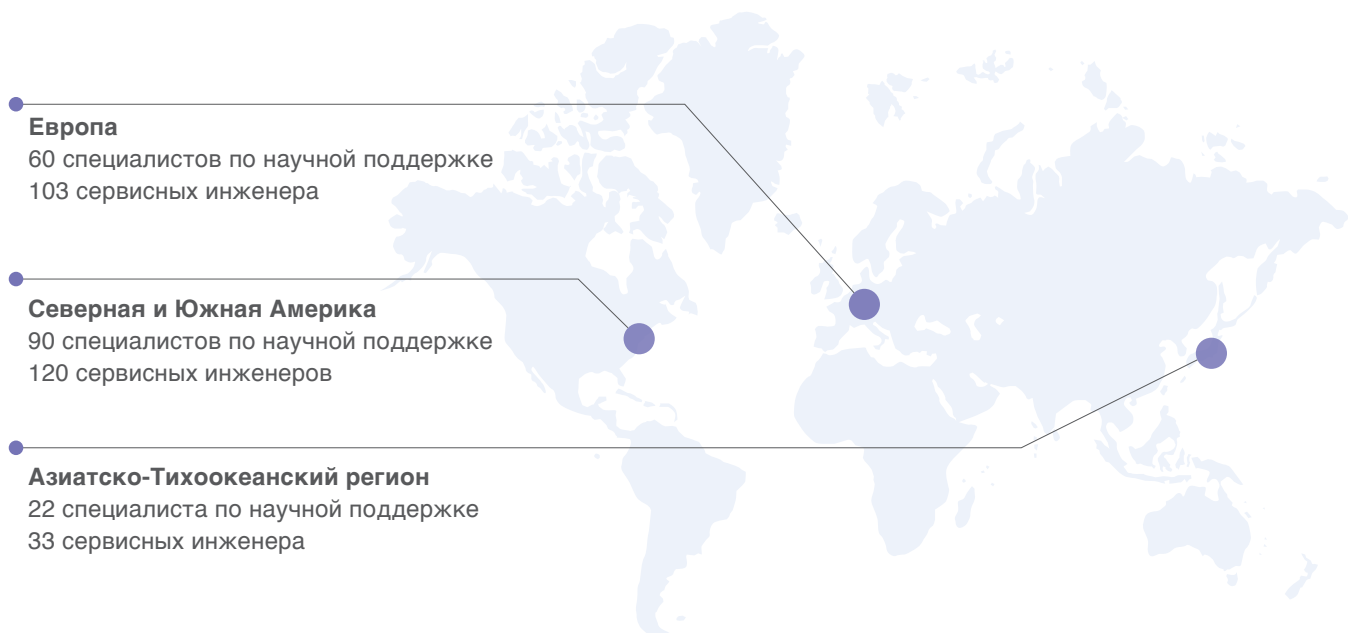
## Мы здесь, чтобы помочь вам

С глобальным штатом более чем в 3700 специалистов по продукции, научной и сервисной поддержке, готовых помочь по телефону, онлайн или непосредственно в лаборатории, вы можете быть уверены в том, что мы окажемся рядом тогда, когда вам понадобится это больше всего.

Мы предлагаем не только гибкие планы по сервисному обслуживанию, призванные соответствовать вашим уникальным потребностям, но и онлайн или практические обучающие курсы, созданные для того, чтобы вы могли запустить свое оборудование как можно скорее. У вас также есть возможность установить контакт с коллегами

из сообщества по секвенированию нового поколения Ion Torrent посредством регулярных конференций пользователей, проводимых более чем в 30 городах по всему миру. Сетевой форум Ion Community, насчитывающий более 25 тысяч участников, дает возможность исследователям, работающим с технологией Ion Torrent, открыто делиться методами и результатами, для того чтобы критически оценивать технологию и делать ее совершеннее.

Мы приглашаем вас начать секвенировать на системах Ion S5 и Ion S5 XL, основанных на технологии, поддерживаемой вашими коллегами и учеными нашей компании.



Начните свое путешествие в мир секвенирования на сайте [thermofisher.com/ions5](http://thermofisher.com/ions5)