

Достижения геномных технологий в анализе биологических видов и экосистем

Алексей Аникаев
Ведущий менеджер по
продвижению, Геномика

моб. +7 985 176 45 20
a.anikaev@helicon.ru



Высокопроизводительные секвенаторы



DNBSEQ-G50

Производительность: до 150 Гб
Макс. длина прочтений: PE150
Макс. кол-во прочтений: 500 млн

- Средние таргетные панели
- Репродуктивная генетика (НИПТ, ПГТ)
- Метагеномный анализ
- Малые геномы (вирусы, грибы, бактерии)
- Анализ транскриптома



DNBSEQ-G400

Производительность: до 1 440 Гб
Макс. длина прочтений: PE300
Макс. кол-во прочтений: 1,8 млрд

- Большие таргетные панели
- Секенирование экзона
- Метагеномный анализ
- Малые геномы (вирусы, грибы, бактерии)
- Анализ транскриптома



DNBSEQ-T7

Производительность: до 6 000 Гб
Макс. длина прочтений: PE150
Макс. кол-во прочтений: 5 млрд

- Большие геномы (человек), популяционные исследования
- Секенирование экзона
- Анализ транскриптома

Кастомные панели для таргетного секвенирования

The screenshot shows the Nanodigmbio web application interface. At the top, there is a navigation bar with the Nanodigmbio logo, a language selector (语言/Language), a user greeting (Hi!), a notification bell, and links for Help center, About us, and a phone number (4008 717 699). Below the navigation bar, there are two tabs: "Custom design Panel" (active) and "Nanodigmbio Commercialization Panel". The main content area features four large, light blue panels, each with an icon and a "Start Design >" button:

- DNA Panel**: Represented by a DNA double helix icon.
- Methylation Panel**: Represented by a DNA double helix with a methyl group icon.
- RNA Panel**: Represented by an RNA structure icon.
- Microbial Genome Panel**: Represented by a microorganism icon.

Below these panels, there are two main sections: "Design list" and "Order list". Each section has a search filter with fields for "Date" (Start to End), "Panel Name", and "Design type", followed by a search button. Below the filters are tables with the following headers:

Design list table headers: Date, Panel Name, Design type, Design No, State, Operation. The table currently displays "No Data".

Order list table headers: Date, Panel Name, Design type, Order No, Number of probes, State, Operation. The table currently displays "No Data".

Онлайн-инструмент для создания кастомных панелей:

<http://nadprobe.njnad.com>

Кастомные панели для таргетного секвенирования



Ambystoma mexicanum-8296



Asteroidea



Hydrozoa



Echinoidea



Paralithodes camtschaticus



Arabidopsis thaliana-3702



Rattus norvegicus-10116



Felis catus-9685



Lampropeltis getula nigrita-165023

И другие...

Метагеномный анализ микробных сообществ



DNBSEQ-G50

Режим секвенирования: SE50-FCL

Макс. кол-во прочтений: 500 млн



DNBSEQ-G400

Режим секвенирования: SE50-FCL

Макс. кол-во прочтений: 1,8 млрд



Автоматизированный протокол
подготовки библиотек со
станцией MGISP-Smart 8

Метагеномный анализ PFI

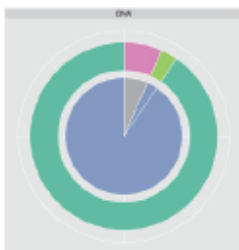
25 образцов
за запуск

90 образцов
за запуск

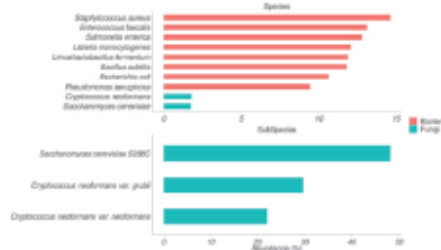
Рабочий процесс: до отчёта и сборки *de novo*

Identification report

DNA/RNA classification, species



reads QC Chart



Abundance of species identification

Assembly report



De novo assembly

Актуальная микробная база данных

Масштабная база данных из >27 000 геномов, обеспечивающая массовый скрининг за один запуск

Нет необходимости в предварительном тестировании: культура не нужна

Доступно для широкого спектра биологических и экологических образцов (почва, вода, донные отложения и др.)

Достижения геномных технологий в анализе биологических видов и экосистем

Расцвет геномики...

Система секвенирования DBNSEQ T20×2

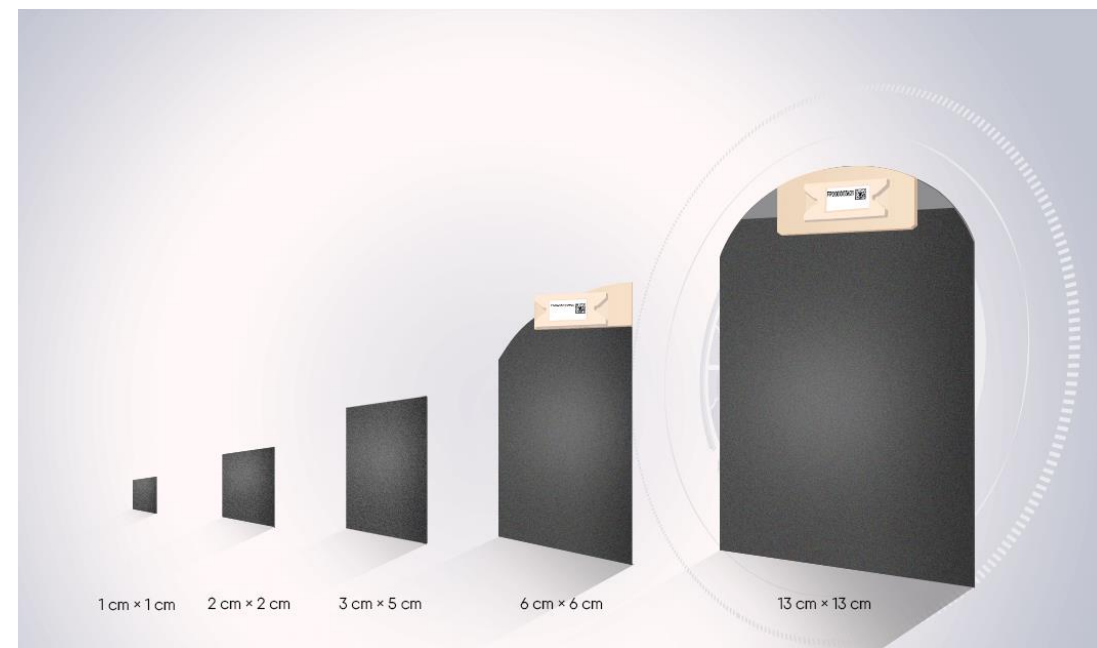
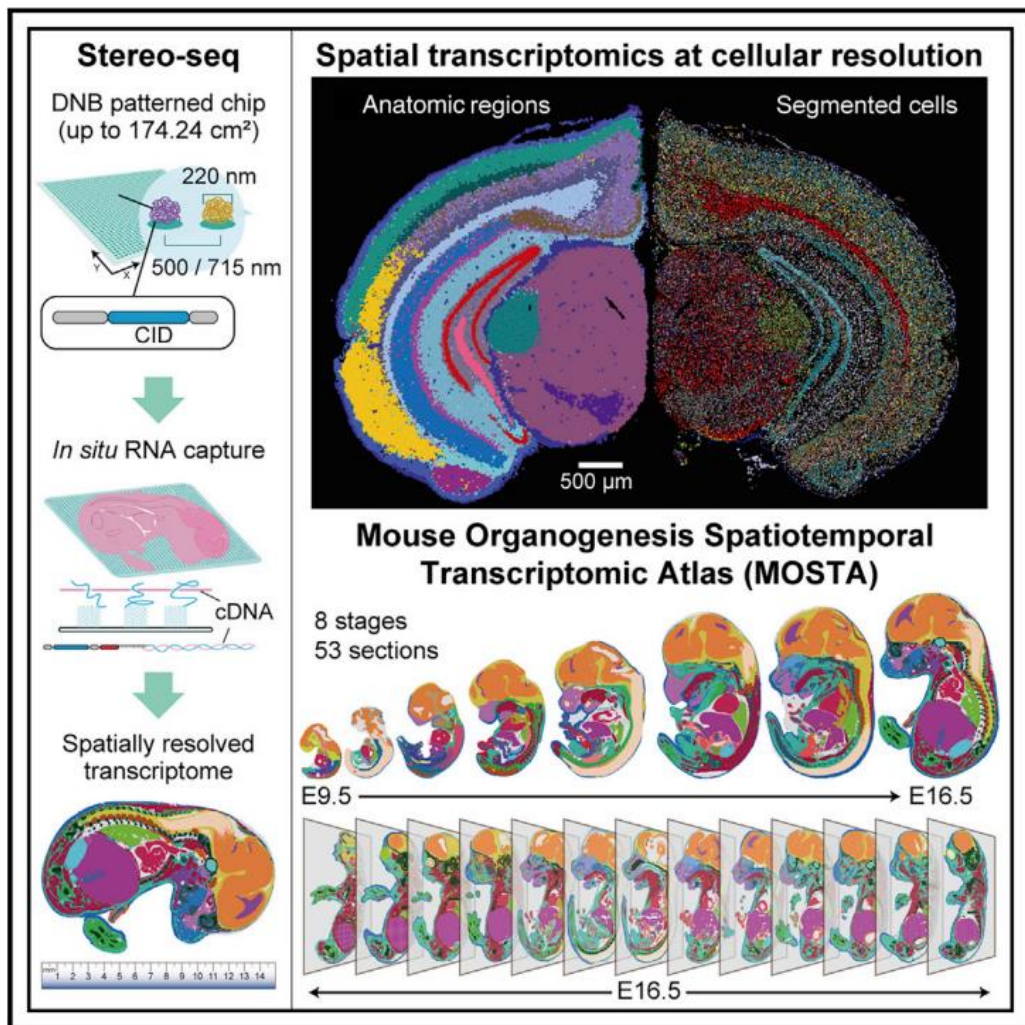


PE100	35 млрд. ридов / ячейка	42 Тб за запуск	2,5 дня	≥85 Q30 (%)
PE150	40 млрд. ридов / ячейка	72 Тб за запуск	3,5 дня	≥80 Q30 (%)

6 слайдов / запуск

>50 000 WGS в год с 30х покрытием

Пространственная транскриптомика



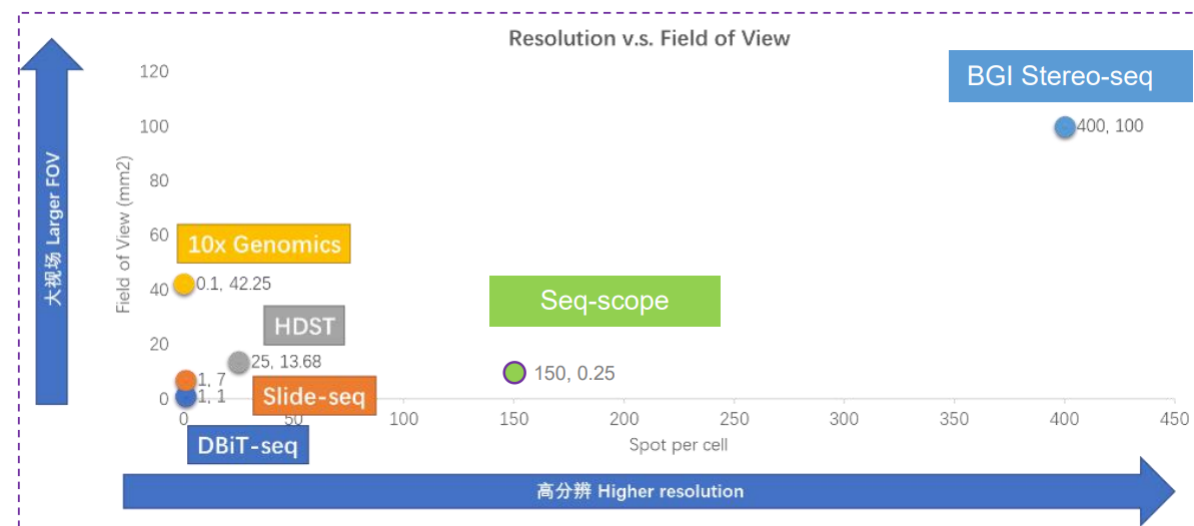
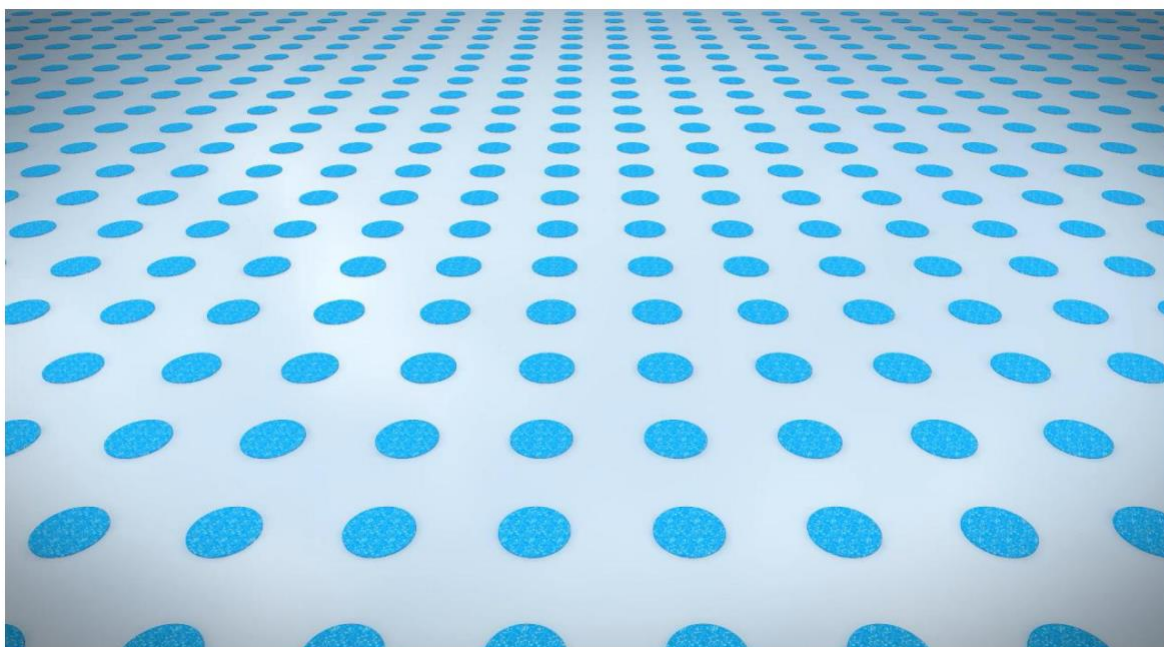
Пространственная транскриптомика – метод 2020 года по версии *Nature Methods*

Метод молекулярного профилирования, который позволяет измерять активность генов в образце ткани и отображать её локализацию

SpaTial Enhanced REsolution Omics-sequencing (Stereo-seq)

Stereo-seq - пространственно-временная омиксная технология, независимо разработанная BGI, заключающаяся в захвате мРНК из среза ткани с помощью стереочипов и достройки пространственного контекста с использованием пространственного штрих-кода (Coordinate ID, CID).

Таким образом, создаётся прочная взаимосвязь между данными по экспрессии генов, морфологией клеток и локальной средой.



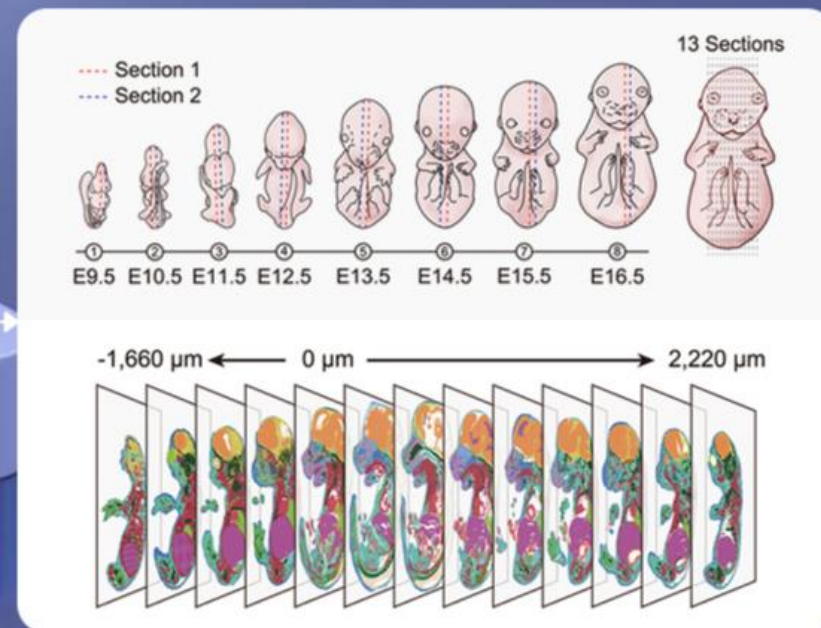
Optical microscope (~1µm) naked eye (~40µm)

	DBiT-seq	Slide-seq	HDST	10X Genomics	Stereo-seq	Seq-scope
Spot size (µm)	10	10	2	55	0.22	<0.25
Field of view (mm²)	25	7 (Φ 3.0)	13.86 (5.7x2.4)	42.5 (6.5x6.5)	100 (10x10)	0.25 (0.5x0.5)

Чипы Stereo-seq: от 1×1 см до 13×13 см

Larger FOV

The standard chip size for Stereo-seq is 1 cm*1 cm and can be expanded up to 13 cm*13 cm.



Higher resolution

Чипы Stereo-seq: от 1×1 см до 13×13 см

Customization

Stereo-seq supports customizing chips of different sizes according to tissue size, providing more options for your research.

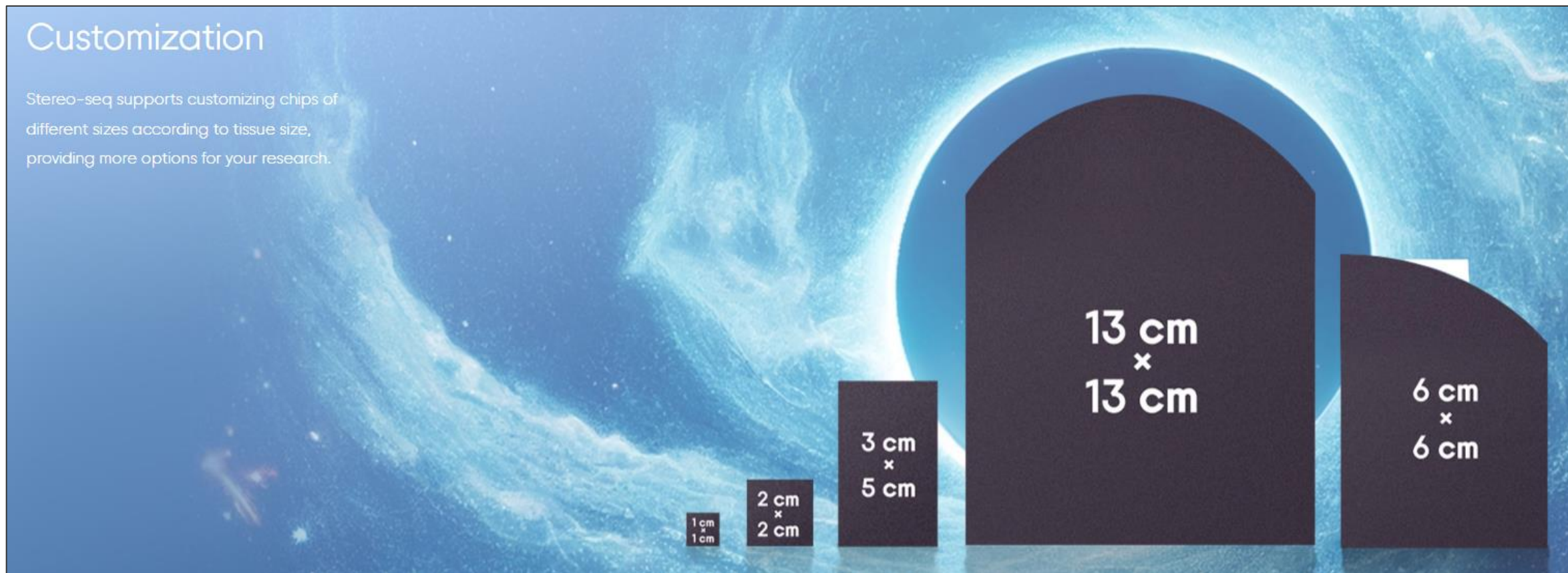
1 cm
×
1 cm

2 cm
×
2 cm

3 cm
×
5 cm

13 cm
×
13 cm

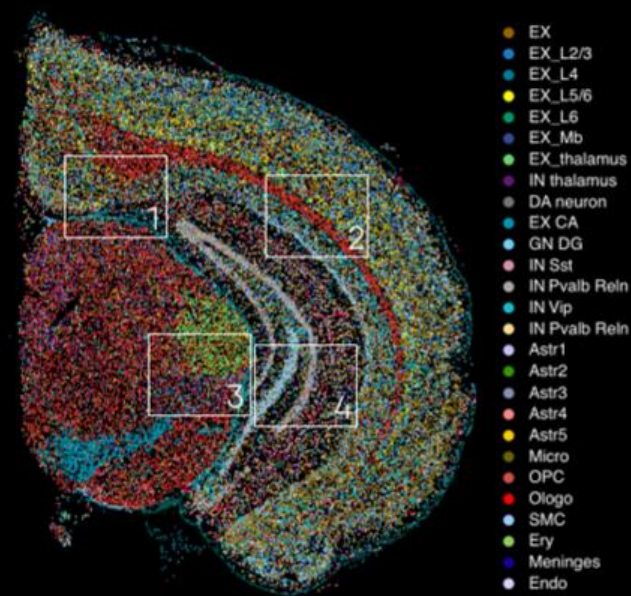
6 cm
×
6 cm



Разрешение Stereo-seq в наномасштабе

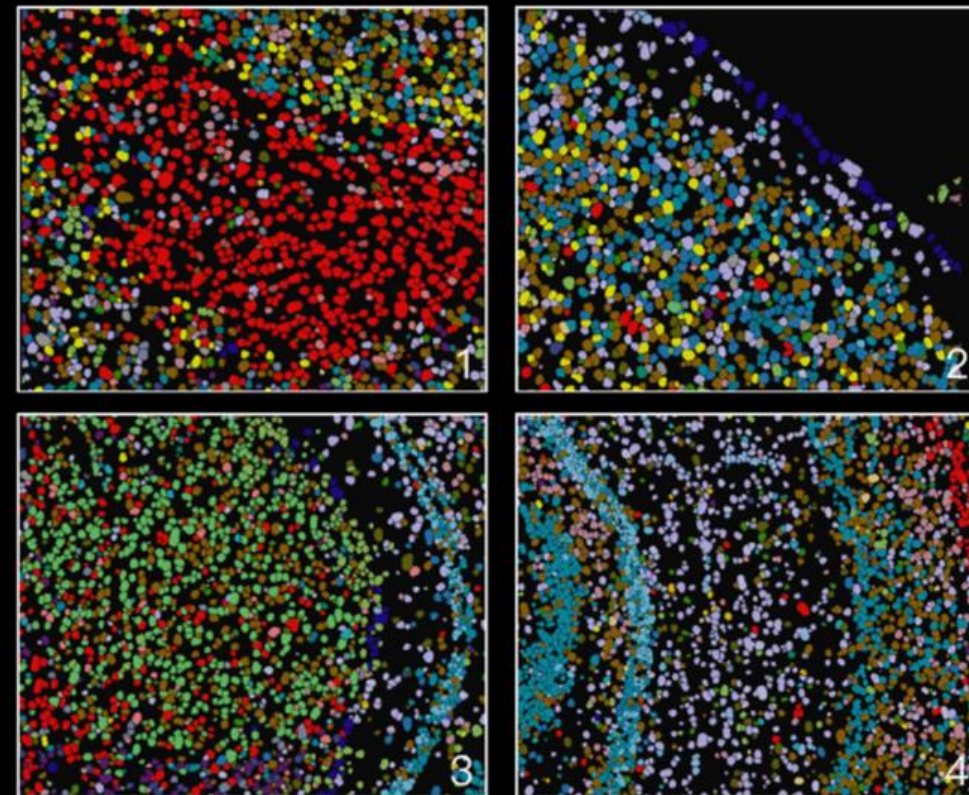
Higher resolution

Stereo-seq achieves a nanoscale resolution of 500 nm, which enables spatial localization and identification of single-cell and their molecular information.



Cell clusters (segmented cells)

Cell clusters (segmented cells)



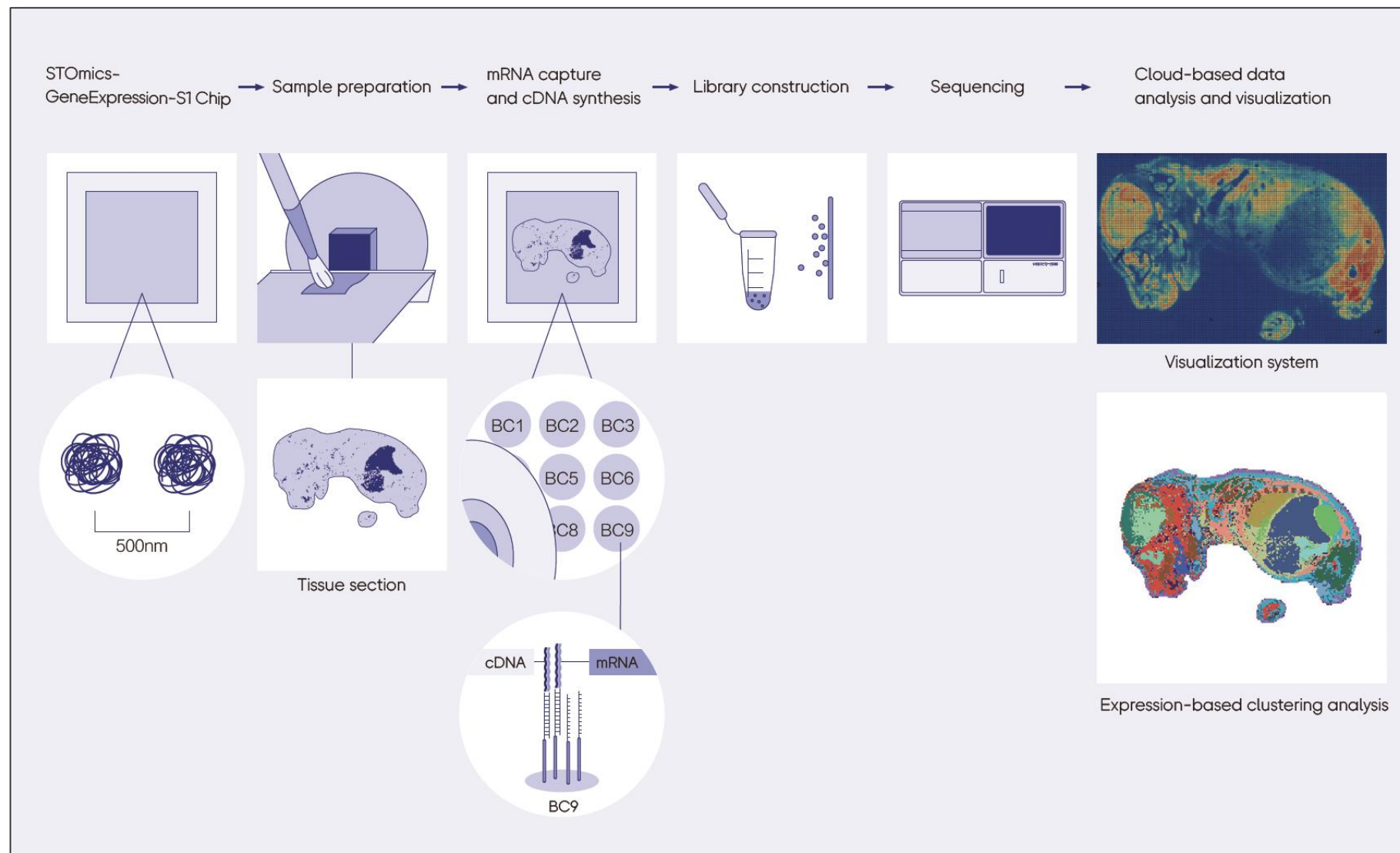
100 μ m

Higher resolution

Larger FOV

Customization

SpaTial Enhanced REsolution Omics-sequencing (Stereo-seq)

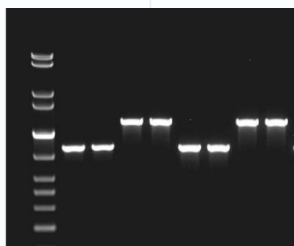


Цифровая ПЦР - это ПЦР 3-го поколения

Третье поколение, самая передовая технология ПЦР, разработанная для специфического обнаружения и абсолютного количественного определения нуклеиновых кислот

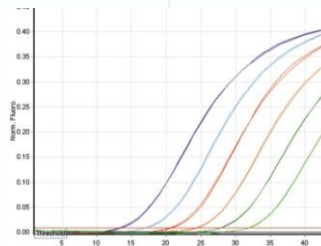
- Базируется на реагентах и рабочем процессе реал-тайм ПЦР
- Реагенты и амплификация такие же, как при реал-тайм ПЦР
- Детекция по конечной точке
- Абсолютный количественный анализ без референсов
- Бинарный сигнал: 1 – положительный; 0 – отрицательный
- Количественное определение мишеней с низкой концентрацией

1983



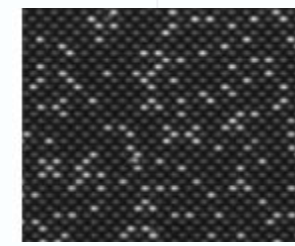
Классическая ПЦР

1996



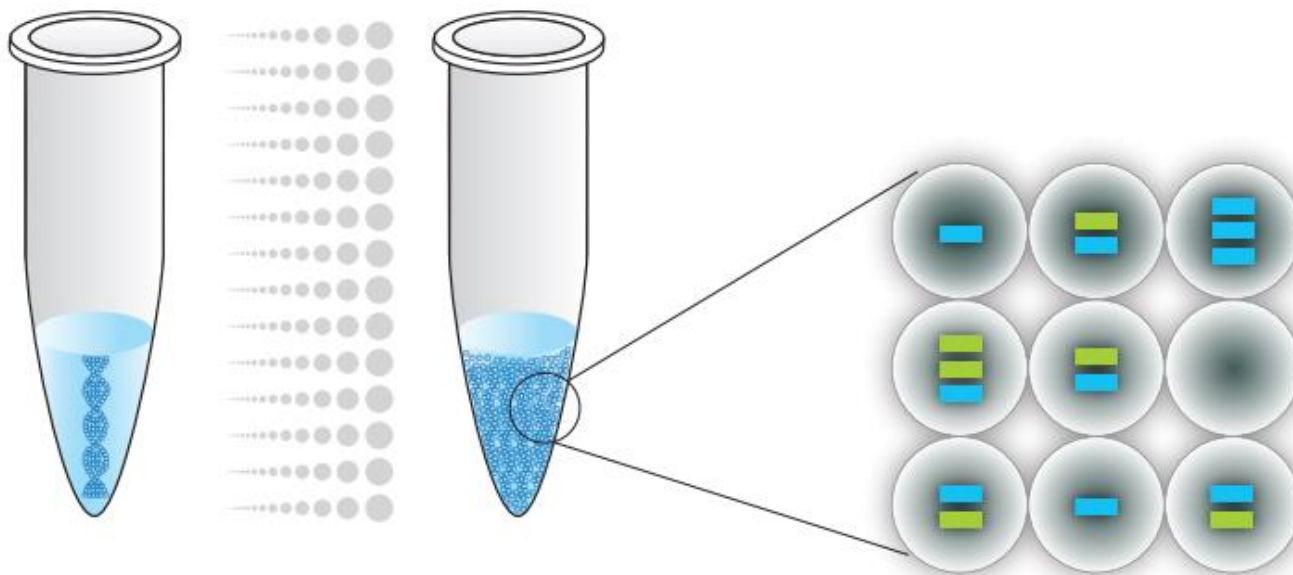
ПЦР в режиме реального времени (qPCR)

2006



Цифровая ПЦР (dPCR)

Цифровая биология



Обычная ПЦР:
одно измерение
общего сигнала

Цифровая ПЦР: тысячи
независимых измерений
сигнала

— Мишень
— Фоновая ДНК

- ✓ **Абсолютный количественный анализ**
Не нужны калибровочные кривые
- ✓ **Устойчивость к ингибиторам**
Из-за распределения смеси и детекции
- ✓ **Точность**
Детекция даже небольших изменений в копиях
- ✓ **Повышенная аналитическая чувствительность**
Детекция низкокопийных мишеней
- ✓ **Высокая воспроизводимость**
Тысячи измерений на образец

Система для капельной цифровой ПЦР DropDx



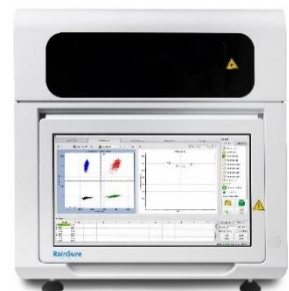
Генератор эмульсии и амплификатор

Формат: формирование эмульсии образца и проведение ПЦР в едином картридже

Количество капель на образец: 20 тыс.

До 16 образцов за запуск

Температурный градиент термоблока



Сканер картриджей

4 канала детекции: FAM, HEX, ROX, CY 5

Получение данных: снятие изображений с картриджа

Встроенный компьютер для анализа данных

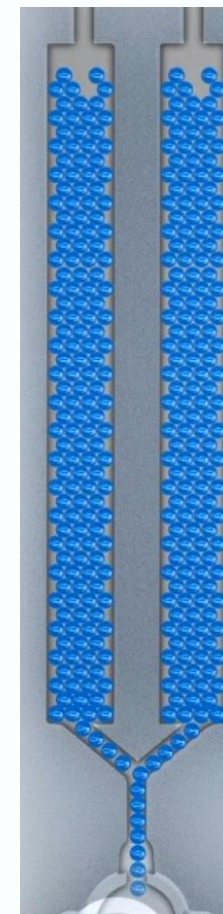


Схема картриджа с эмульсией образца

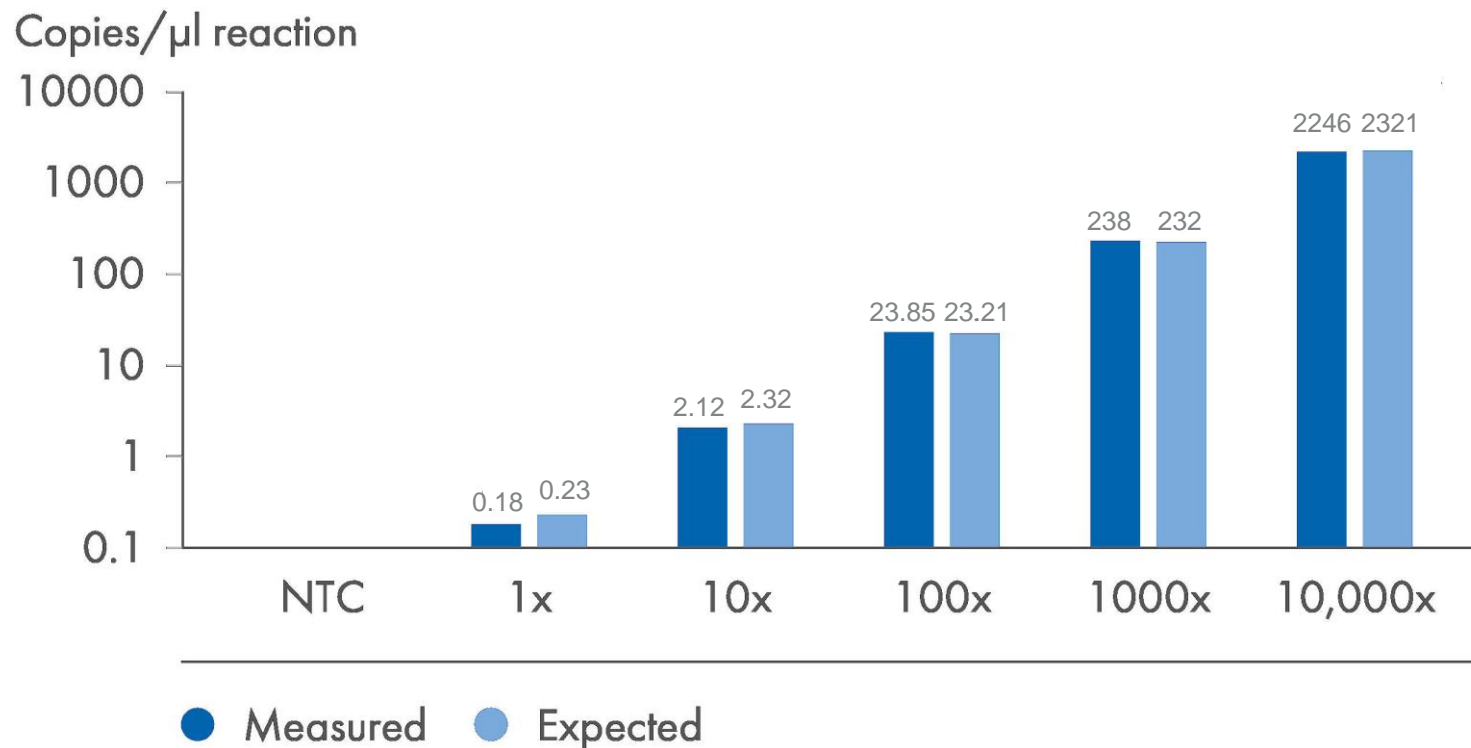
Количественный абсолютный анализ

Количественная оценка эталонного стандарта NIST 8376 с использованием гДНК из *Shigella sonnei*

- Референсный образец:

<https://www-s.nist.gov/m-srmors/certificates/8376.pdf>

- Тест, нацеленный на одну копию гена *S. sonnei*, показал точную абсолютную количественную оценку ожидаемого количества копий во всех разведениях эталонной ДНК-матрицы (1x – 10 000x).



Цифровая ПЦР для анализа сложных образцов



Анализ сухих пятен крови



Исследования модельных организмов (мышь, крысы)



Анализ древней ДНК



Анализ гербарных образцов



Исследования ледяных кернов
Анализ климатических изменений



Метагеномные исследования
нефтяных отложений



Определение сырьевого
состава



Исследования биоплёнок

Спасибо за внимание!

Алексей Аникаев
Ведущий менеджер по
продвижению, Геномика

моб. +7 985 176 45 20
a.anikaev@helicon.ru