МСЕ-202 Система мікрочіпного електрофорезу для аналізу ДНК/РНК

MultiNA



Спрощує електрофорез у гелі
Швидке налаштування, чудові результати

MCE™-202 Система мікрочіпного електрофорезу для аналізу ДНК/РНК

MultiNA™





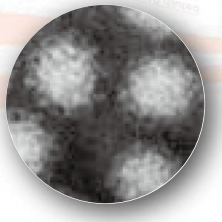




Аналіз РНК для генетичних досліджень



Генотипування



Аналіз на інфекційні захворювання

Почніть аналіз лише за три кроки ▶ Сторінка 4

Надзвичайнопростаоперація.Післястворенняреагентівкладуаналізу просто завантажте зразки та реагенти та натисніть кнопку «Пуск».

Автоматичний аналіз від 1 до 108 завантажених проб ▶ Сторінка 6

Швидкий аналіз із до чотирьох мікрочіпівпаралельно.

Широкий спектр застосування ▶ Сторінка 8

Широко використовується для генетичних досліджень, а також аналізу харчових продуктів, генотипування, мікробіологічного аналізу, аналізу інфекційних захворювань та аналізу РНК.

Витратні матеріали та опції ▶ Сторінка 10

Технічні характеристики ▶ Сторінка 11

Почніть аналіз лише за три кроки

Надзвичайнопроста операція.Післяствореннярозкладуаналізупростозавантажте зразки та реагентитанатисніть кнопку«Start».

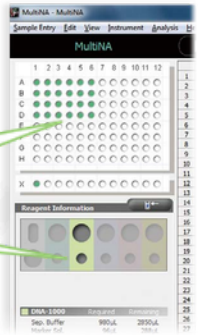
Виняткова простота використання

Крок 1

Зареєструйте графік аналізу.*

* Єдиний графік аналізу дозволяє аналізувати з використанням кількох наборів реагентів.





Крок 2

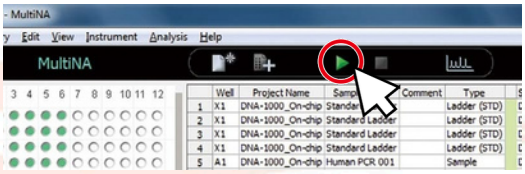
Завантажте зразки та реагенти.



Крок 3

Натисніть кнопку «Start».

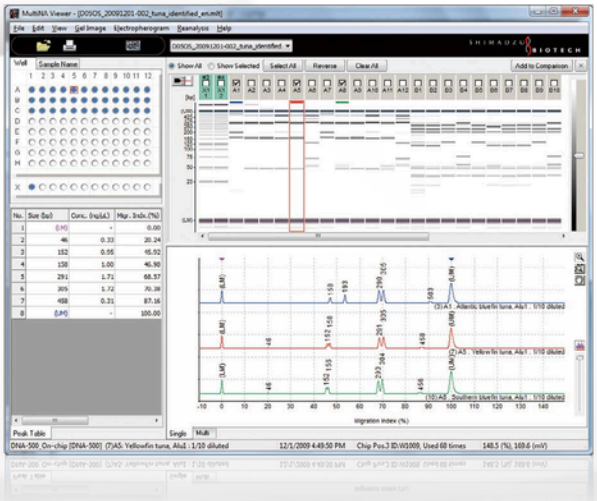




Автоматизований аналіз: Зразок застосування → Міграція → Розділення → Виявлення → Промивання → Аналіз

Повна автоматизація всіх кроків від прикладної програми до аналізу даних.

Результат Відобразиться екран результатів аналізу.



Рішення вашого розчарування за допомогою електрофорезу в агарозному гелі

Електрофорез у агарозному гелі

MultiNA

Простота експлуатації

Потрібна низка різних кроків вручну

- Послідовність ручних операцій від створення гелю до візуалізації займає багато часу та зусиль.
- Було б бажано збирати дані під час обідньої перерви та вночі.
- Через велику кількість етапів процес стає виснажливим.



Простий автоматизований аналіз

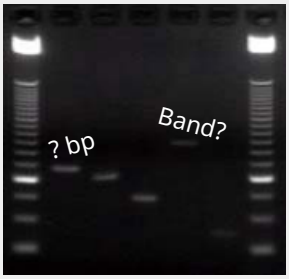
- Немає потреби готувати гелі.
- Просто завантажте зразки та реагенти для автоматичного аналізу.
- Автоматичне очищення після аналізу.



Якість результатів

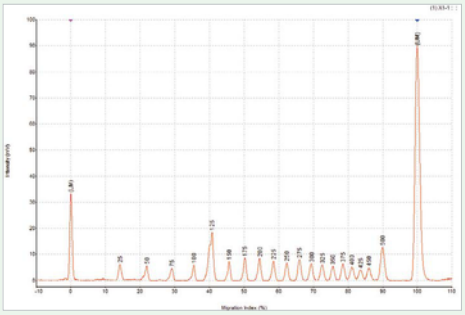
Якість даних могла б бути кращою

- Припорівнянні з драбинкоюможна визначити лише орієнтовні розміри.
- Розбіжності між аналізами ускладнюють порівняння.
- Невистачає розділення.
- Важко виявити малу ДНК.



Об'єктивний аналіз результатів

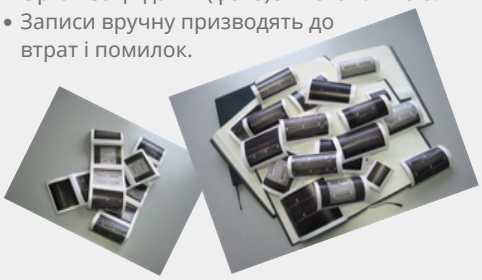
- Корекція за внутрішніми стандартними маркерами та стандартами драбинки забезпечує високовідтворювані дані про розмір.
- Флуоресцентні барвники високої чутливості забезпечують у рази вищу чутливість, ніж системи агароза/бромід етидію.
- Чітке розділення та надійне виявлення ДНК менше 100 bp.



Керування

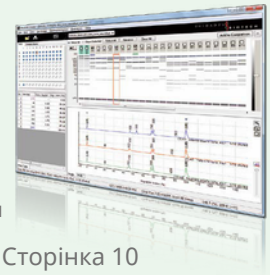
Складна організація результатів

- Організаціяданих(фото)є виснажливою.
- Записи вручну призводять до втрат і помилок.



Зручне управління даними

- Зображення гелів і дані у вигляді хвильових форм зберігаються як файли зображень.
- Переглядач дозволяє паралельно відображати дані аналізу за різні дати й час.
- Числові дані можна експортувати у форматі CSV для аналізу в Shimadzu AutoFinder™ (опція).



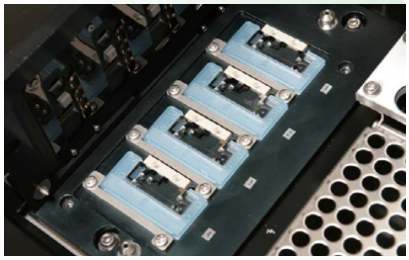
▶ Сторінка 10

Автоматичний аналіз до 108 завантажених зразків

Багаторазові мікрочіпи та вибір оптимального реагенту для кожного зразка забезпечують чудову аналітичну продуктивність.



*Пластину для ПЦР на 96 лунок можна накрити алюмінієвою фольгою для запобігання випаровуванню зразків.



Тримач чіпа

Система автоматизованого аналізу

Реагенти

Доступні п'ять різних наборів реагентів для різних зразків. Щоб зробити роботу візуально простою, тримачі реагентів і екран програмного забезпечення мають кольорове кодування відповідно до використовуваного набору реагентів.



Реагенти



Тримач для реагентів

Місце для зразків і маркерної шкали

Інструмент

Автоматизований аналіз
Дозволяє автоматизувати аналіз із використанням паралельної обробки до чотирьох мікрочіпів. Дані для кожного зразка можна спостерігати після завершення кожного аналізу, без необхідності чекати завершення аналізу всіх зразків.

Функція автоматичного очищення
Мікрочіпи промиваються водою після завершення аналізу. Автоматичне очищення можна виконати за допомогою додаткового набору RA Chip Cleaning Kit відповідно до стану мікрочіпа.

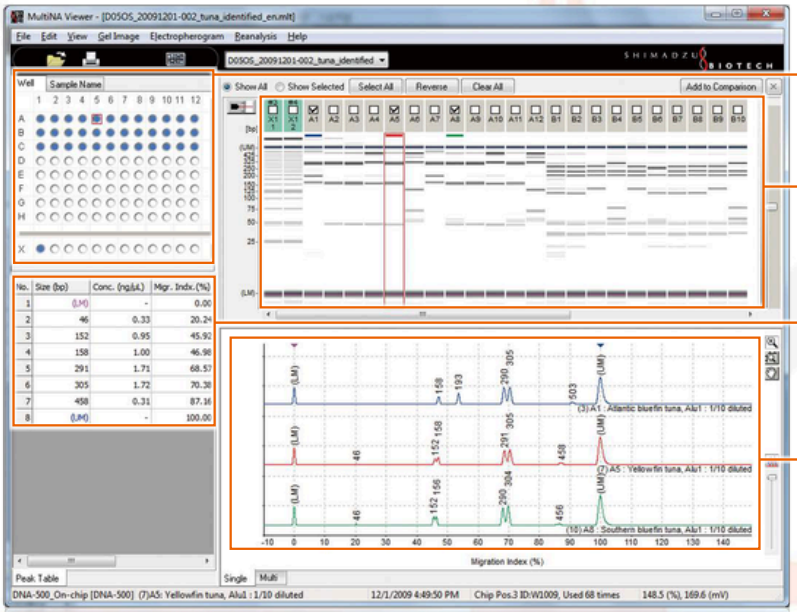
Мікрочіпи

Надзвичайно тонкі канали потоку та електродні візерунки створюються на кварцовій підкладці за допомогою технології MEMS*. Спеціальне покриття дозволяє використовувати мікрочіпи повторно.

*MEMS(мікроелектромеханічнісистеми)

Відображення результатів аналізу в MultiNA Viewer

Результати аналізу отримуються у вигляді електронних даних, які можна переглядати за допомогою програмного забезпечення MultiNA Viewer.
Функція порівняльного перегляду дозволяє порівнювати та аналізувати дані з аналізів, виконаних у різний час, на одному екрані.



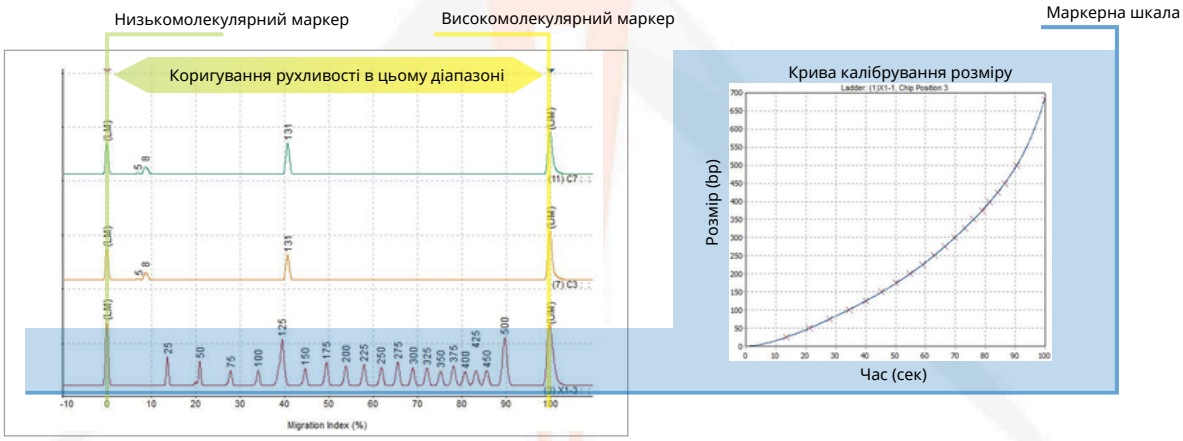
Відображення лунки зразка
Показує статуспрогресуаналізу різними кольорами.

Зображення гелю
Можебути збережене як зображення (jpg, bmp, tif).

Таблиця піків
Прогнозовані значення розмірів і концентрацій можуть бути збережені у форматі CSV.

Електрофореграма
Можебути збереженаяк зображення (jpg, bmp, tif).

Автоматичний розрахунок розміру



Кожен набір реагентів містить внутрішні стандартні маркери. Змішуючи маркери з мішенню для аналізу (зразок і маркерна шкала[*1]) перед виконанням аналізу, рухливість шкали та зразка можна виправити. Програмне забезпечення автоматично обробляє корекцію рухливості за допомогою маркерів, калібрувальної кривої розміру з піків сходів і прогнозування розміру вибірки. Програмне забезпечення також дозволяє реєструвати та налаштовувати ваші власні драбини, а також комерційно доступні маркерні шкали[*2].

(*1Маркернашкалаеквівалентнамаркерам,щовикористовуютьсявелектрофорезівагарозномугелі.*2Такіумови,якрозмір і концентрація,визначають,яку шкалу слід використовувати.)

Широкий діапазон застосування іонів

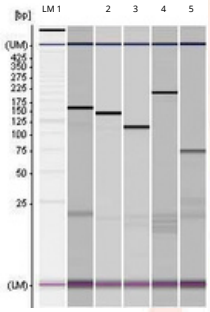
Широковикористовується длягенетичнихдосліджень,атакождляаналізу їжі, генотипування, мікробіологічного аналізу, аналізу інфекційних захворювань і аналізу РНК.

Застосування до аналізу харчових продуктів — Виявлення алергенних речовин

Application News: No. B23

Японія була першою у світі, яка застосуваласистемумаркуванняхарчовихпродуктів, що містять алергени. Аналіз ДНК методом якісної ПЛР можна провести на п'яти (пшениці, гречці, арахісі, креветках і крабах) із семи зазначених видів сировини (за винятком яєць і молока).

Зразок
Набір іонообмінної смоли для виділення ДНК
Очищення ДНК
ПЛР-праймер, специфічний для кожного зразка
Продукти ПЛР
Аналіз продуктів ПЛР MCE-202 MultiNA
Виявлення алергенної речовини



Зображення гелю

LM : Маркерна шкала (25bp ДНК-лестера)
Смуга 1 : Пшениця
Смуга 2 : Гречка
Смуга 3 : Арахіс
Смуга 4 : Креветки
Смуга 5 : Краб

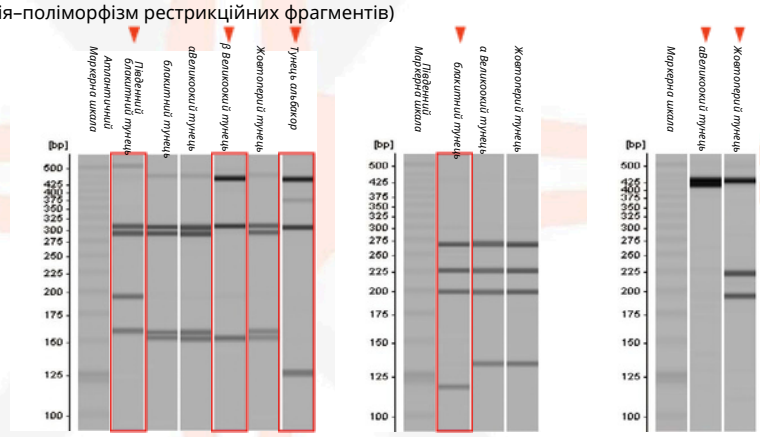
Застосування до генотипування — Ідентифікація Thunnus за допомогою методу ПЛР–ПДРФ

Application News: No. B28

Специфічна для тунця генетична послідовністьмітохондріальнийДНКампліфікуєтьсязадопомогоюПЛР. Ця ампліфікована ДНК розщеплюється рестриктазою, і шаблон використовується для ідентифікації виду тунця.
* PCR–RFLP: (полімеразна ланцюгова реакція–поліморфізм рестрикційних фрагментів)

Зразок
Екстракція ДНК
Очищення ДНК
ПЛР
Продукти ПЛР
Обробка ферментом рестрикції
Продукти PCR-RFLP
MultiNA електрофорез
Ідентифікація сортів тунця

•Посібник з ідентифікації видів тунця (Центр інспекції харчових і сільськогосподарських матеріалів; Агентство з досліджень рибного господарства, Японія)



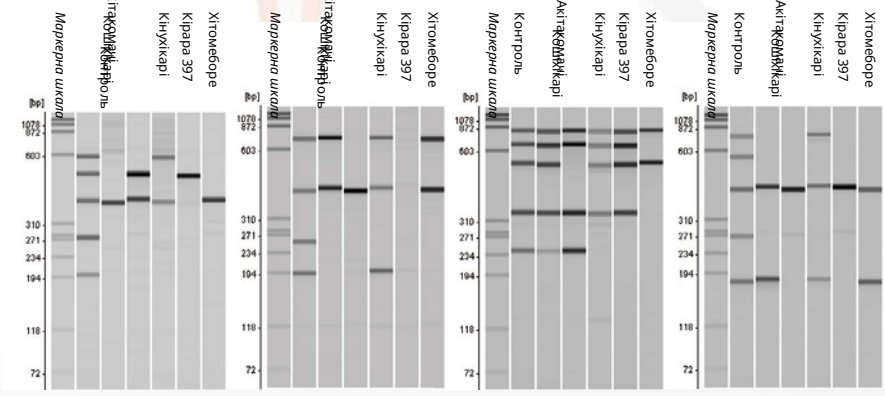
Гель-зображення схем розділення ПЛР–ПДРФ

Застосування до Multiplex-PCR — Ідентифікація сортів рису

Application News: No. B30

Мультиплексна ПЛР виконуєтьсяна чотирьохнаборахзразківза допомогою набору для ідентифікації сорту (від Kokken). Потім сорт рису можна ідентифікувати шляхом порівняння отриманої моделі з моделями для кожного сорту рису.

Зразок
Екстракція ДНК
Очищення ДНК
Мультиплексна ПЛР за допомогою набору для визначення сорту
Продукти ПЛР
Аналіз продуктів ПЛР-MultiNA
Отримання зразків зовнішнього вигляду продуктів ПЛР
Збірка візерунків
Ідентифікація сортів рису



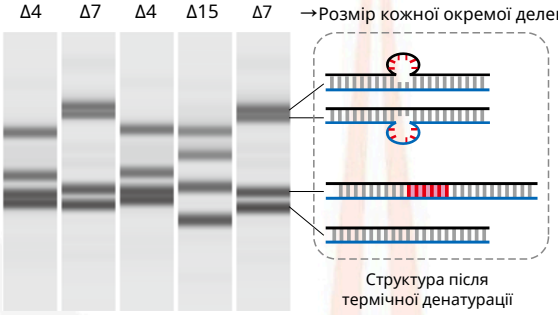
Програми для редагування геному

Виявлення делеційних мутацій, викликаних інструментами редагування геному

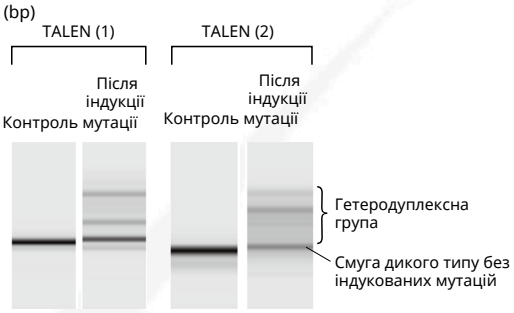
Application Notes: No. 36

Мутації викликаються інструментами редагування геному CRISPR/Cas9 і TALEN. ПЛР виконується щодо ділянок, суміжних з індукованими делеційними мутаціями. Отримані продукти ПЛР здійснюють термічну денатурацію та відпал, регулюючи гетеродуплекс. Через різницю в мобільності гетеродуплекс можна відокремити та виявити, що дозволяє підтвердити дрібні мутації видалення та активність запланованого інструменту редагування геному.

Зразок
ПЛР
Продукти ПЛР
Термічна денатурація та відпал
Гетеродуплекс
Електрофорез
MultiNA
Виявлення делеційних мутацій



Виявлення делеційних мутацій (гетеро) після покоління F1



Оцінка in vivo активності інструменту редагування геному відносно покоління F0 (мозаїка)

Додатки до NGS

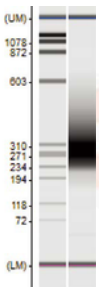
Контроль якості бібліотеки NGS

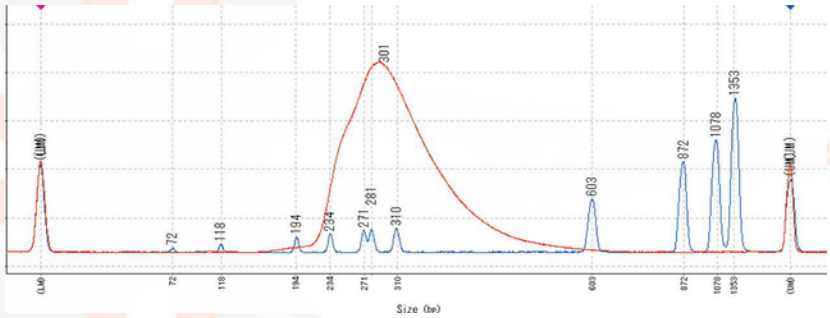
Application News: No. B52

Було проаналізованобібліотеку,підготовлену задопомогою набору для підготовки бібліотеки NGS, і проведено постструнування за допомогою програмного забезпечення для аналізу мазка. Якість бібліотеки NGS була підтверджена результатами аналізу, включаючи середній розмір і концентрацію.

* NGS: секвенсор нового покоління

Зразок
Попередня обробка за допомогою набору для підготовки
Бібліотека NGS
Аналіз бібліотеки MutiNA
Після запуску (аналіз розмазування)
Підтвердження якості бібліотеки





Приклад аналізу бібліотеки NGS (ліворуч) Зображення гелю (праворуч) Електрофореграма

Червоний: бібліотека NGS (зразки мазка)
Синій: маркери ΦX174 DNA/Hae I II для кривої калібрування розміру

Застосування до методу RAPD-STS

Ідентифікація звичайних сортів квасолі за допомогою RAPD-STS

Application News: No. B32

ПЛР проводиться на ДНК, виділенійз чотирьох видівбілоїквасолі.Потімсорт білоїквасоліможнаідентифікуватишляхом порівняння отриманої моделі з моделями для кожного сорту.

* RAPD-STS: (випадково ампліфіковані поліморфні послідовності ДНК, помічені сайти)

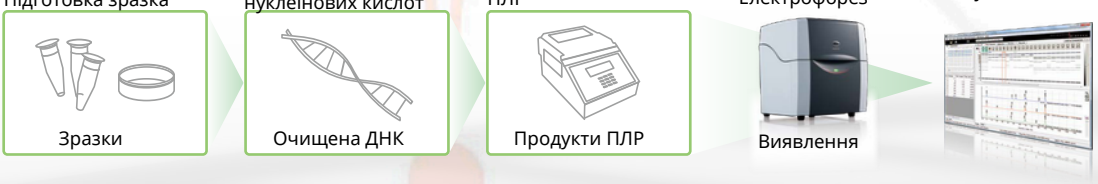
Приклад аналізу РНК

Аналіз загальної РНК щурів

Application News: No. 6

Під час дослідження з використанням РНК важливо постійно контролювати якість РНК, щоб переконатися, що використана РНК не зазнає впливу РНКази. MultiNA здатна точно розпізнавати 18S-рРНК і 28S рРНК на основі інформації калібрувальної кривої, отриманої зі сходів.

Приклад застосування



Спеціальні витратні матеріали

Набори реагентів MultiNA



P/N: 292-27911-91 Набір ДНК-1000 (1000 аналізів)
P/N: 292-27912-91 Набір ДНК-2500 (1000 аналізів)
P/N: 292-36600-91 Набір ДНК-12000 (1000 аналізів)
P/N: 292-27913-91 РНК набір (1000 аналізів)

Вміст набору реагентів
(1) Буфер розділення
(2) Розчин маркера (внутрішній стандартний маркер)
*Набори не містять флуоресцентних барвників або маркерних шкал. (Етидій бромід не використовується.)
*Набори мають термін придатності. Будь ласка, використовуйте їх одразу після відкриття.

Мікрочіп



P/N: 292-36010-41
Назва частини: MICROCHIP, WT
Мікрочіп є загальним для всіх наборів реактивів.

Набір для чищення стружки RA



P/N: 292-35925-91
Назва частини: CHIP CLEANING KIT-RA
Флуоресцентний барвник і компоненти реагентів можуть адсорбуватися на стінці каналу потоку мікрочіпа, таким чином знижуючи ефективність розділення та зменшуючи кількість повторних використань. Очищення мікрочіпа за допомогою CHIP CLEANING KIT-RA усуває адсорбовані компоненти та покращує (або відновлює) ефективність розділення мікрочіпа.

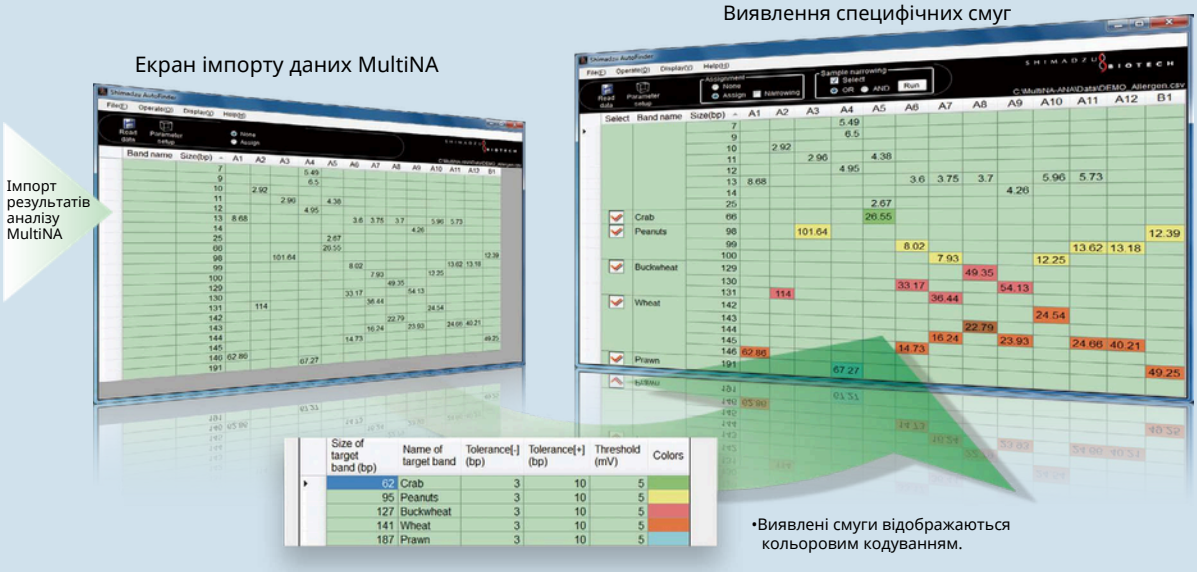
Опція — Виявлення ДНК певного розміру

Додаткове програмне забезпечення Shimadzu AutoFinder для виявлення ДНК певного розміру
P/N: 292-96800-01 Shimadzu AutoFinder
Shimadzu AutoFinder безпосередньо імпортує результати аналізу MultiNA у форматі csv для виявлення ДНК певних розмірів. Це дозволяє проводити простий і швидкий аналіз даних, накопичених завдяки великій кількості аналізів під час повсякденної рутинної роботи. Зазвичай складна маніпуляція даними необхідна для оцінки відсутності або наявності цільових смуг і виявлення ДНК певного розміру. Shimadzu AutoFinder — це потужний інструмент для підтримки аналізу.
•Розроблено та виготовлено Shimadzu System Development Corporation.

Виявлення специфічних смуг

Екран імпорту даних MultiNA

Імпорт результатів аналізу MultiNA



•Виявлені смуги відображаються кольоровим кодуванням.

Екран налаштування параметрів виявлення

• Виберіть діапазон помилок і чутливістьвиявлення.
• Виберіть колір для розпізнавання смуг.

Технічні характеристики

Стійка для зразків	Сумісний із 96-лунковим планшетом для ПЛР† і пробіркою для ПЛР із 12/8 стрипами (рекомендований продукт Shimadzu)
Мікрочіп	Кварц, довжина каналу розділення 23 мм, електроди на кристалі (вставте до чотирьох мікрочіпів)
Попередня обробка	Автоматичне введення зразка, автоматичне поповнення буфера розділення, автоматичне очищення стружки
Напруга електрофорезу	Макс. номінальна напруга: 1,5 кВ, макс. струм: 250 мкА
Час циклу аналізу	Прибл. 80 с (з використанням чотирьох чіпів) * Стандартний аналіз ДНК (ДНК-1000/премікс). Це не включає час, необхідний для проведення першого й останнього промивання та початкового аналізу.
Метод виявлення	Флуоресцентний детектор зі збудженням світлодіодів (довжина хвилі збудження 470 нм) * Світлодіодний продукт класу 1
Діапазон розмірів поділу	25–500 bp (набір DNA-500) 100–1000 bp (набір DNA-1000) 100–2500 bp (набір DNA-2500) 100–12000 bp (набір DNA-12000) До 28S рРНК (5,0 вузла) (набір RNA)
Роздільна здатність	5 bp (25–100 bp), 5 % (100–500 bp), 10 % (500–1000 bp), 20 % (1000–12000 bp)
Точність розмірів	±5 bp (25-100 bp), ±5% (100-500 bp), ±15% (ДНК-1000, ДНК-2500, ДНК-12000)
Необхідний обсяг зразка	Аналіз ДНК: Режим попереднього змішування: від 2 до 10 мкл (після змішування з розчином маркера: від 6 до 30 мкл) Режим змішування на чіпі: від 5 до 30 мкл Аналіз РНК: режим попереднього змішування: від 3 до 15 мкл (після змішування з розчином маркера: від 6 до 30 мкл) У режимі Premix розчин маркера змішується зі зразком перед завантаженням в прилад. У режимі On-Chip Mixing зразок і розчин маркера завантажуються окремо та змішуються на мікрочіпі під програмним керуванням.
Максимальна концентрація солі	Аналіз ДНК: 10 мМ Tris-HCl, що містить макс. 125 мМ KCl або NaCl. Аналіз РНК: 10 мМ Tris-HCl, що містить макс. 1 мМ EDTA. Аналіз ДНК: 0,2 нг/мкл (при 10 мМ трис-HCl буфері, що містить 50 мМ KCl і 1,5 мМ MgCl2)
Мінімальна межа виявлення	Аналіз РНК: 5 нг/мкл (загальна РНК), 25 нг/мкл (мРНК) (при 10 мМ Tris-HCl буфері, що містить 1 мМ EDTA) Аналіз ДНК: від 0,5 до 50 нг/мкл (при 10 мМ Tris-HCl, що містить 50 мМ KCl і 1,5 мМ MgCl2)
Діапазон кількісного визначення	Аналіз РНК: від 25 до 500 нг/мкл (загальна РНК), від 25 до 250 нг/мкл (мРНК) (10 мМ Tris-HCl буфер, що містить 1 мМ EDTA) Аналіз ДНК: ±30% (при 10 мМ Tris-HCl буфері, що містить 50 мМ KCL) (набори DNA-500, DNA-1000 і DNA-2500)
Точність кількісного визначення	±40 % (набір DNA-12000. Кількісна точність базується на верифікації від 200 bp до 12000 bp.)
Повторюваність к-го визначення	Аналіз РНК: CV 10% або менше (CV 20% або менше для загальної РНК еукаріотичного походження в концентраціях 150 нг/мкл або більше)
Зовнішні розміри	Ш 415 мм × Д 545 мм × В 508 мм
Вага	43 кг
Джерело живлення	від 100 до 120 В, від 220 до 240 (маркування CE) 300 ВА макс.

Примітка) Специфікації продуктивності аналізу вище базуються на стандартних умовах аналізу Shimadzu та стандартних зразках.
Примітка) Специфікації можуть не відповідати залежно від аналізованого зразка та умов аналізу.
Примітка) Набори реагентів і мікрочіпи не входять до стандартних аксесуарів приладу MultiNA.
†Можна застосувати алюмінієвий лист (продукт, рекомендований Shimadzu), щоб запобігти випаровуванню зразка.

■Програмне забезпечення контролера та перегляду

Контролер	Створення графіків аналізу, контроль у режимі реального часу, автоматична попередня обробка аналізу, автоматична додаткова обробка аналізу, автоматична обробка помилок, керування журналом аналізу, перевірка продуктивності аналізу
Обробка даних	Пакетне відображення/детальне відображення зображень/ферограм гелю, автоматичне кількісне визначення та прогнозування розміру за маркерами розміру, пошук даних, імпорт/експорт даних, ручне редагування та повторний аналіз Зміни середнього розміру та концентрації щодо зразків мазка (під час аналізу мазка)
Звіти	Багаторівневе відображення даних, деревоподібне відображення зразків/файлів, структурне порівняння РНК, результати перевірки ефективності аналізу, жу

Примітка) Контрольний ПК не постачається з приладом. Керуючий ПК придбайте окремо.
Навіть якщо модель ПК відповідає наведеним вище умовам, робота програмного забезпечення не може бути гарантована через вплив налаштувань Windows® і конфігурації апаратного забезпечення.
Мову відображення (англійську або японську) можна вибрати під час встановлення програмного забезпечення.

