

Next-Generation-Sequencing-Plattformen				Produktübersicht	
Anbieter/Hersteller	Name des Produkts	Anwendungen	Länge der Reads / Fehlerrate	Sonstiges, Besonderheiten, Allgemeines	Preis
<b>Illumina</b> München www.illumina.com <b>Kontakt:</b> Tel. +44 1799 534000 insidesales@illumina.com	MiniSeq System	Targeted DNA- und RNA-Sequenzierung, ChIP-Seq, miRNA-Suche und Profile, Sequenzierung kleiner Genome	Mit MiniSeq High Output Kits: 25M Reads (75, 150 oder 300 Cycles); MiniSeq Mid Output Kit: 8M Reads (300 Cycles) Fehlerrate: >80% Basen besser als Q30 bei 2x150 bp	Single- und Paired-End-Sequenzierung   On-board Cluster-Amplifizierung sowie Daten-Analyse   Kompatibel mit allen Illumina Libraries	Auf Anfrage
	MiSeq System	s.o. 16S rRNA Profile	MiSeq Reagent Kits v3: 25M Reads (150 oder 600 Cycles); MiSeq Reagent Kits v2: 15M Reads (50, 300 oder 500 Cycles); MiSeq Reagent Micro Kit v2: 4M Reads (300 Cycles); MiSeq Reagent Nano Kits v2: 1M Reads (300 oder 500 Cycles) Fehlerrate: >70% Basen besser als Q30 bei 2x300 bp	s.o.	Auf Anfrage
	MiSeqDx System	MiSeqDx Cystische Fibrose 139-Varianten Assay, Cystische Fibrose Sequencing Assay und MiSeqDx Universal Kit; MiSeqDx System, auch für Forschung geeignet	MiSeq Reagent Kits v3: 25M Reads (150 oder 600 Cycles); MiSeq Reagent Kits v2: 15M Reads (50, 300 oder 500 Cycles); MiSeq Reagent Micro Kit v2: 4M Reads (300 Cycles); MiSeq Reagent Nano Kits v2: 1M Reads (300 oder 500 Cycles) Fehlerrate: >70% Basen besser als Q30 at 2x300 bp	FDA-zugelassene Plattform für <i>In-vitro</i> -Diagnostik (IVD)   CE-Kennzeichnung (IVD)	Auf Anfrage
	MiSeq FGx System	Forensische Genomik, auch für Forschung geeignet	MiSeq Reagent Kits v3: 25M Reads (150 oder 600 Cycles); MiSeq Reagent Kits v2: 15M Reads (50, 300 oder 500 Cycles); MiSeq Reagent Micro Kit v2: 4M Reads (300 Cycles); MiSeq Reagent Nano Kits v2: 1M Reads (300 oder 500 Cycles) Fehlerrate: >70% Basen besser als Q30 bei 2x300 bp	Ausgelegt für forensische Genomik	Auf Anfrage
	NextSeq 500 System	Targeted DNA- und RNA-Sequenzierung, ChIP-Seq, miRNA-Suche und Profile, Sequenzierung großer und kleiner Genome, Exom-Sequenzierung, RNA-Seq	NextSeq 500/550 High Output Kits: 400M Reads (75, 150 oder 300 Cycles); NextSeq 500/550 Mid Output Kits: 130M Reads (150 oder 300 Cycles) Fehlerrate: >75% Basen besser als Q30 bei 2x150 bp	Single- und Paired-End-Sequenzierung, On-board Cluster-Amplifizierung   Kompatibel mit allen Illumina Libraries	Auf Anfrage
	NextSeq 550 System	Infinium CytoSNP-12, Infinium CytoSNP-850K, Infinium HumanKaryomap-12; Sequenzierung	NextSeq 500/550 High Output Kits: 400M Reads (75, 150 oder 300 Cycles); NextSeq 500/550 Mid Output Kits: 130M Reads (150 oder 300 Cycles) Fehlerrate: >75% Basen besser als Q30 bei 2x150 bp	Array Scanning und Sequenzieren mit einem Instrument	Auf Anfrage
	HiSeq 2500 System	Sequenzierung großer Genome, Exom-Sequenzierung, RNA-Seq, Metagenomics, Methylierungs-Sequenzierung	High Output Run Mode: 4000M Reads (50 oder 250 Cycles); Rapid Run Mode: 600M Reads (50, 200 oder 500 Cycles) Fehlerrate: >80% Basen besser als Q30 bei 2x125 bp (High Output) >75% Basen besser als Q30 bei 2x250 bp (Rapid Mode)	Einzel- und Doppel-Flowcell-Modus   Single- und Paired-End-Sequenzierung   On-board Cluster-Amplifizierung   Rapid-Run-Modus   Kompatibel mit allen Illumina Libraries	Auf Anfrage
	HiSeq 3000 System	s.o.	2500M Reads (50, 150 and 300 Cycles) Fehlerrate: >75% Basen besser als Q30 bei 2x150 bp	Einzel- und Doppel-Flowcell-Modus, Single- und Paired-End-Sequenzierung   Kompatibel mit allen Illumina Libraries	Auf Anfrage
	HiSeq 4000 System	s.o.	5000M Reads (50, 150 und 300 Cycles) Fehlerrate: >75% Basen besser als Q30 bei 2x150 bp	s.o.	Auf Anfrage
	HiSeq X Five System	Whole Genome Sequenzierung	6000M Reads (300 Cycles) Fehlerrate: >75% Basen besser als Q30 bei 2x150 bp	Einzel- und Doppel-Flowcell-Modus   Paired-End-Sequenzierung   Nur für die Sequenzierung großer Genome geeignet   Mindestabnahme: fünf Systeme	Auf Anfrage
	HiSeq X Ten System	Whole Genome Sequenzierung	6000M Reads (300 Cycles) Fehlerrate: >75% Basen besser als Q30 bei 2x150 bp	s.o.	Auf Anfrage

## „DNA-Decoderstationen“

Next-Generation-Sequencing-Plattformen				Produktübersicht	
Anbieter/Hersteller	Name des Produkts	Anwendungen	Länge der Reads / Fehlerrate	Sonstiges, Besonderheiten, Allgemeines	Preis
<b>Oxford Nanopore Technologies</b> Oxford, Großbritannien <a href="http://www.nanoporetech.com/contact-us">www.nanoporetech.com/contact-us</a> <b>Kontakt:</b> Tel. + 44 845 034 7900	MinION	Sequenzierung von gDNA, Amplikon, cDNA. Direkte RNA-Sequenzierung in Vorbereitung	Abhängig von Probenaufbereitung; bisher gemessenes Maximum: 240 Kilobasen Fehlerrate: Single-Read-Genauigkeit bis zu 99%	Mobil: etwas größer als ein USB-Stick   Einfacher Ablauf: Library-Präparation in 10 min   Echtzeit-Datenanalyse   Keine Amplifikation nötig   Hohe Read-Länge	Gerät: 1.000 \$ Verbrauchsmaterial: 500 bis 900 \$ pro Flowcell-Reagenzien: 95 \$ pro Library
	PromethION	Sequenzierung von gDNA, Amplikon, cDNA. Direkte RNA-Sequenzierung in Vorbereitung	Abhängig von Probenaufbereitung; bisher gemessenes Maximum: 240 Kilobasen; Fehlerrate: Single-Read-Genauigkeit bis zu 99%	Skalierbar: eine oder 48 unabhängige Flowcells   Einfacher Ablauf: Library-Präparation in 10 min   Echtzeit-Datenanalyse   Keine Amplifikation nötig   Hohe Read-Länge	Gerät: 75.000 \$ Verbrauchsmaterial: Preisliste in Vorbereitung
<b>Pacific Biosciences</b> Menlo Park, CA <a href="http://www.pacb.com">www.pacb.com</a> <b>Kontakt:</b> Tel. +1 650 521 8000 emea@pacb.com	Sequel System	Genomsequenzierung	Über 20 kb	Single-Molecule Real-Time-(SMRT)-Technologie   370.000 Reads pro SMRT-Zelle	Auf Anfrage
	PacBio RS II System	Genomsequenzierung, RNA-Seq, Epigenetik	Über 20 kb	Single-Molecule Real-Time-(SMRT)-Technologie   Schnelle Sequenzierung   Sehr geringer Bias	Auf Anfrage
<b>Qiagen</b> Hilden <a href="http://www.qiagen.com">www.qiagen.com</a> <b>Kontakt:</b> Salim Essakali Salim.essakali@qiagen.com Tel. +49 2103290	GeneReader NGS System	Krebs: FFPE, Flüssigbiopsie	107 bp (FFPE-basierte und Flüssigbiopsie-Tests)	Integrierter Workflow von der Nukleinsäure-Extraktion bis zur Dateninterpretation, ergänzt durch entsprechende Middleware, die das System mit dem jeweiligen LIMS-System verknüpft   Die Leselänge ist auf die betreffende Anwendung abgestimmt (Fokus auf FFPE-basierte und Flüssigbiopsie-Tests)   Einziges NGS-System mit mehrfachem Durchflusszellen-Design, das unerreichte Flexibilität in der Probenprozessierung und der Skalierbarkeit ermöglicht	Verschiedene Preismodelle, die auf die jeweiligen Kundenanforderungen abgestimmt werden können.
<b>Thermo Fisher Scientific</b> (Life Technologies) Darmstadt <a href="http://www.lifetechnologies.com">www.lifetechnologies.com</a> <b>Kontakt:</b> Tel. +49 0800 083 09 02 orders_germany@thermofisher.com	Ion Personal Genome Machine (PGM) System	DNA, cfDNA, RNA, Microbial Targeted Sequenzierung, Gen-Panel-Sequenzierung u.a.	Bis zu 500 bp	Sequencer basierend auf Halbleitertechnologie   Einfach zu bedienen   Schneller Workflow,   Automatisierbar   Drei verschiedene Chips	Abhängig von der Konfiguration
	Ion Personal Genome Machine Dx (PGMDx) System	DNA, cfDNA, RNA, Microbial Targeted Sequenzierung, Gen-Panel-Sequenzierung u.a.	Bis zu 500 bp	Sequencer basierend auf Halbleitertechnologie   Einfach zu bedienen   Schneller Workflow   Automatisierbar   CE IVD gelabelt, IQOO   Mit „Combined-Functions-Software“ für klinische Forschungs-Anwendungen	Abhängig von der Konfiguration
	Ion Proton System	DNA, cfDNA, RNA, Microbial Targeted Sequenzierung, Gen-Panel-Sequenzierung u.a.	Bis zu 200 bp	Sequencer basierend auf Halbleitertechnologie   Einfach zu bedienen   Schneller Workflow   Für Anwendungen mit hohem Durchsatz	Abhängig von der Konfiguration
	Ion S5 System	DNA, cfDNA, RNA, Microbial Targeted Sequenzierung, Gen-Panel-Sequenzierung u.a.	Bis zu 400 bp	Schnellstes Gerät auf dem Markt   Kleinste Probenmengen genügen   Drei verschiedene Chips   Sehr einfach zu bedienen   Skalierbar   Einfache Datenanalyse	Abhängig von der Konfiguration
	Ion S5 XL System	DNA, cfDNA, RNA, Microbial Targeted Sequenzierung, Gen-Panel-Sequenzierung u.a.	Bis zu 400 bp	Schnellstes Gerät auf dem Markt   Kleinste Probenmengen genügen   Drei verschiedene Chips   Sehr einfach zu bedienen   Skalierbar   Einfache Datenanalyse   Für Anwendungen mit hohem Durchsatz   Schnelle Datenverarbeitung mit separatem Server	Abhängig von der Konfiguration
	Ion Chef System	Automatisierte Library- und Template-Proben-vorbereitung und Chip-Beladung	Bis zu 400 bp	Automatisierung der Probenvorbereitung   5 min Hands-on-Time   Gleichbleibende Chipbeladung   Hohe Qualität	Abhängig von der Konfiguration
	Applied Biosystems Precision ID NGS System	Targeted Sequenzierung für forensische DNA-Analysen mit spezialisierten Kits für ID, Ancestry, mtDNA und Globalfiler NGS STR	Bis zu 400 bp	Für forensische Anwendungen	Abhängig von der Konfiguration