

# Sistema Revio

Este sistema agrega asequibilidad, alto rendimiento y facilidad de uso a una base de lecturas largas, precisión excepcional y detección directa de metilación.

Ayuda a lograr un mayor rendimiento para respaldar grandes estudios y desarrollar aplicaciones novedosas. Puede generar 1300 equivalentes de genoma humano por año.

Simplifica la experiencia de secuenciación HIFI con menos consumibles optimizados para un seguimiento sencillo y un desperdicio mínimo. Con las mejoras en el flujo de trabajo, la carga de consumibles lleva menos de un minuto en el instrumento.

## Precisión de nivel HIFI y Calidad de Datos

- **Longitud de lectura:**

Las lecturas de alta fidelidad tienen decenas de kilobases de largo, lo que brinda la capacidad de resolver variantes grandes y mapear regiones difíciles del genoma.

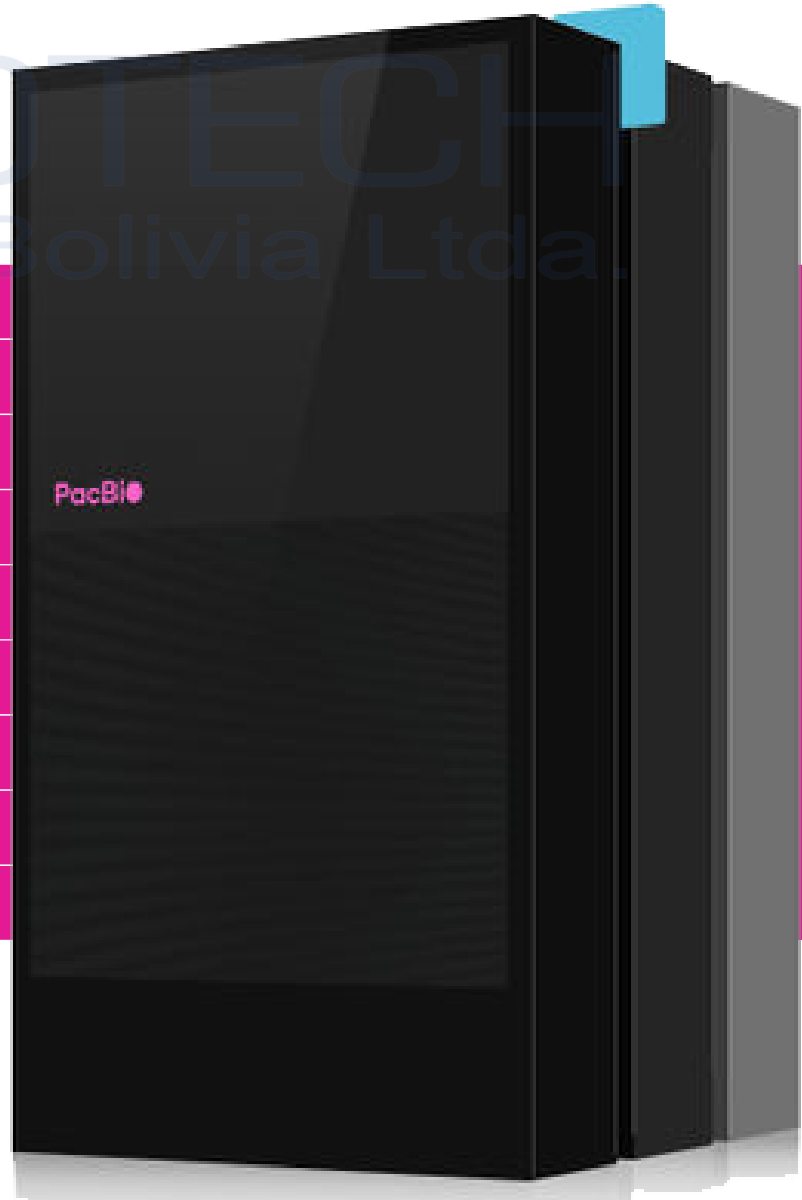
- **Calidad de lectura:**

Proporciona respuestas confiables a través de una precisión excepcional, con un 90% de bases  $\geq$ Q30 y una precisión de lectura mediana  $\geq$ Q30.

- **Llamada variante:**

La secuenciación de alta fidelidad en el sistema Revio ofrece alta precisión para todos los tipos de variantes.

Longitud de lectura	15 - 18 kb
Precisión de lectura	99.95% (Q33)
Tiempo de ejecución	24 horas
Producción	90 Gb
Llamadas variantes: SNV	Sí
Llamadas variantes: Indels	Sí
Llamadas variantes: SVs	Sí
Metilación 5mC	Sí
Ajuste de fase	Sí



# Especificaciones

Entorno Operativo	
Temperatura	19–25°C (66–77°F)
Humedad	20–80 % de humedad relativa, sin condensación
Ventilación	13,000 BTU/hr (3,800 W)
Dimensiones	
Ancho x Profundidad x Altura	92.7 cm (36.5 in) × 91.4 cm (36.0 in) × 174.5 cm (68.7 in)
Peso	465 kg (1,025 lb)
Espacio de piso	243.8 cm (96.0 in) × 138.5 cm (54.5 in)
Energía Eléctrica	
Requerimientos de energía	200–240 VCA a 50-60 Hz, máx. 5 kVA/4.8 kW/24 A
Computadora	
Conexión de red	1 GbE o 10 GbE, copper
Formato de archivo de salida	hifi_reads.bam, ≈55 GB cada uno, hasta 72 TB por año

