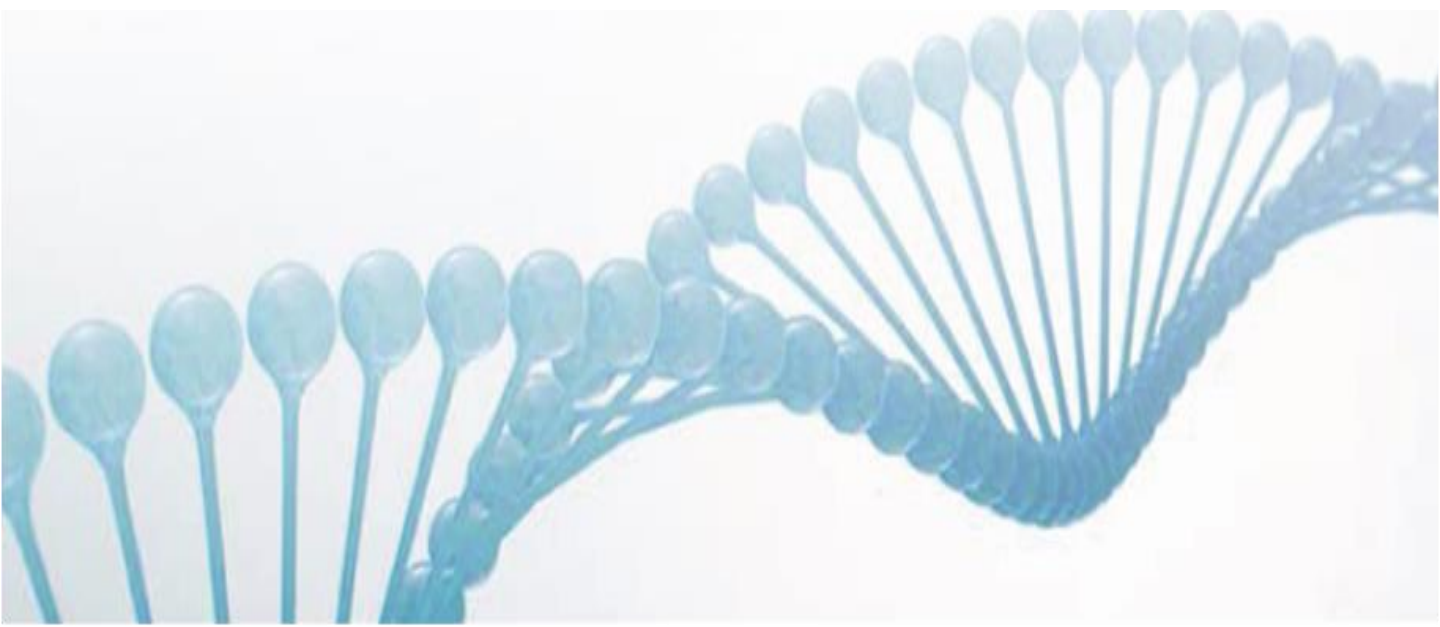


OncoGenBasic

OncoGenBasic

OncoGenBasic

**KITS PARA LA PREPARACIÓN RÁPIDA DE
LIBRERIAS DE NGS MEDIANTE
AMPLICONES PARA LA DETECCIÓN DE
MUTACIONES SOMÁTICAS Y GERMINALES
MEDIANTE UN PROTOCOLO SENCILLO Y
RÁPIDO**



Los kits OGB producidos por Sequencing Multiplex SL (Seqplexing) permiten la rápida generación de librerías para Secuenciación de Nueva Generación (NGS).

- El protocolo es sencillo y se basa en la amplificación de las regiones de interés y la reamplificación-marcado de estas regiones con las secuencias necesarias para la reacción de NGS (Figura 1).
- Las librerías pueden obtenerse en 5 horas aproximadamente con menos de 10 minutos de trabajo manual.
- Las librerías obtenidas tienen una baja tasa de error en la secuenciación y tienen una alta especificidad (más del 97% de las lecturas corresponden a las regiones de interés).
- Cada kit está diseñado para analizar mutaciones somáticas y germinales en genes o regiones "hot spot" de diferentes genes que tienen utilidad en la clínica.

PROTOCOLO

El protocolo para nuestros kits es muy sencillo:

- Añadir el ADN problema a las mezclas de reacción 1.
- Realizar ciclos de PCR1.
- Añadir los productos de la PCR1 en las mezclas de reacción 2 directamente (**sin purificar ni diluir**).
- Realizar ciclos de PCR 2.
- Las librerías pueden visualizarse de forma sencilla (Qiaxcel de Qiagen, gel de agarosa, etc.).
- Realizar reacciones de NGS (protocolo de Illumina).
- Análisis de datos de NGS con nuestro software Small Amplicons Platform (SAP-OGB): identificación de las mutaciones presentes en cada muestra.

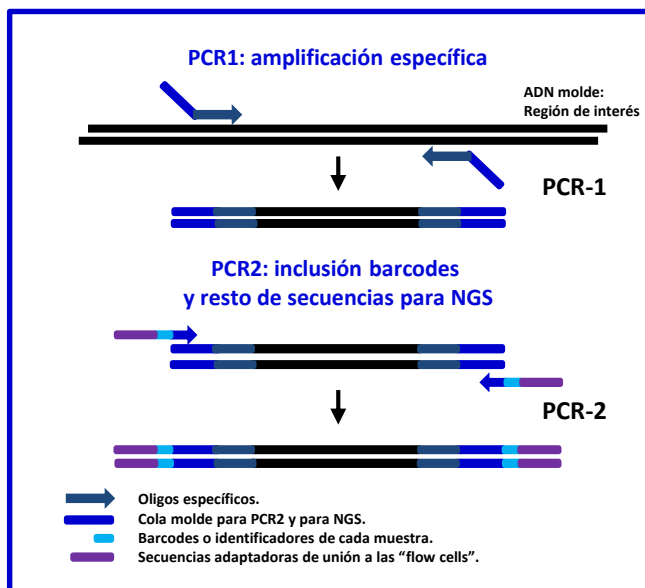


Figura 1: Esquema del procedimiento de generación de librerías.

VENTAJAS

Mínimo tiempo de trabajo manual: menos de 10 minutos, uso de mezclas "ready to use".

Mínima manipulación. Reduce el riesgo de errores y contaminaciones. Uso de mezclas "ready to use".

Alta sensibilidad. Detección de variantes presentes hasta un 1%.

Muestras: Resultados positivos a partir de 10 ng de ADN obtenido de muestras parafinadas, sangre, saliva, etc.

Especificidad: más del 97-98% de las lecturas corresponden a las regiones de interés lo que supone menor número de lecturas necesarias por muestra; menor coste.

Alto valor clínico. Detección de todas las mutaciones relevantes

Compatible con el sistema Nextera de Illumina.

CONTACTO:

www.seqplexing.com

e-mail:

info@seqplexing.com

Tel: +34 96 354 32 63

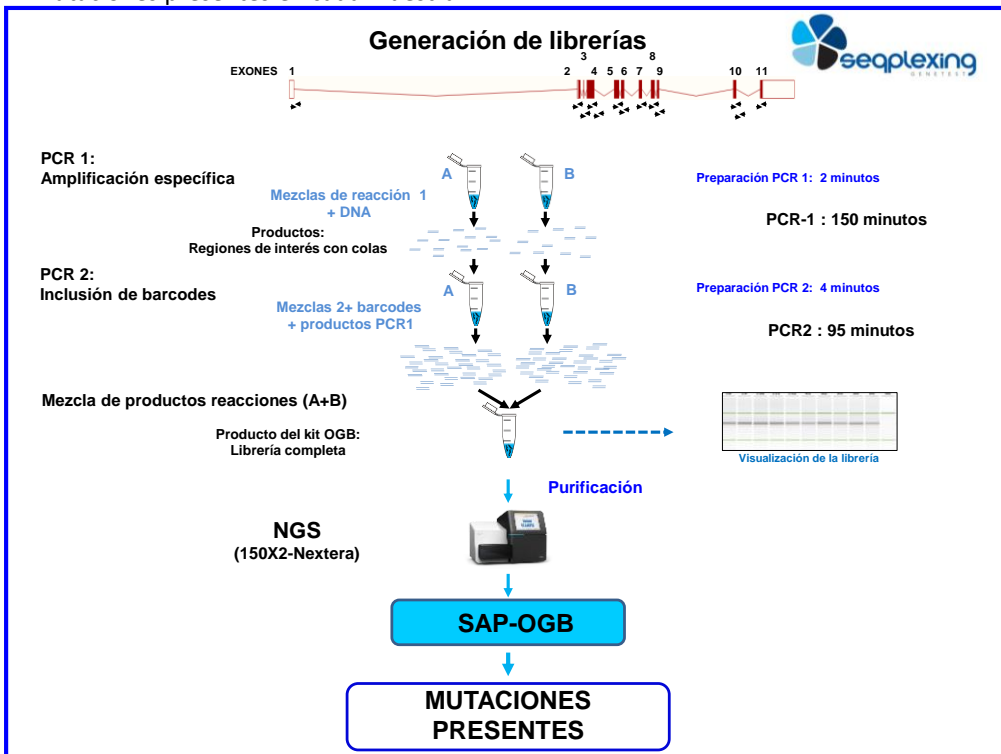


Figura 2: Esquema del procedimiento completo para la obtención de librerías para NGS y su secuenciación.