

Electroforesis Capilar para Control de Calidad para Secuenciación Masiva



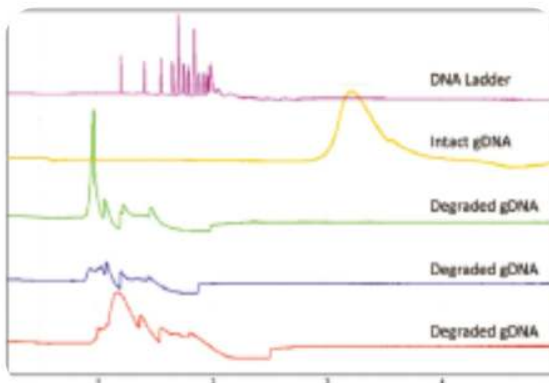
La preparación y el análisis de las muestras previos al experimento de secuenciación son parte vital del proceso general de NGS (secuenciación masiva). La rápida y precisa fragmentación del ADN genómico es un paso crítico en la tecnología NGS, y la calidad de estos fragmentos de ADN es un factor decisivo en la calidad de la secuenciación.



✓ Indica los pasos en que se requiere el analizador de fragmentos en el workflow de NGS.

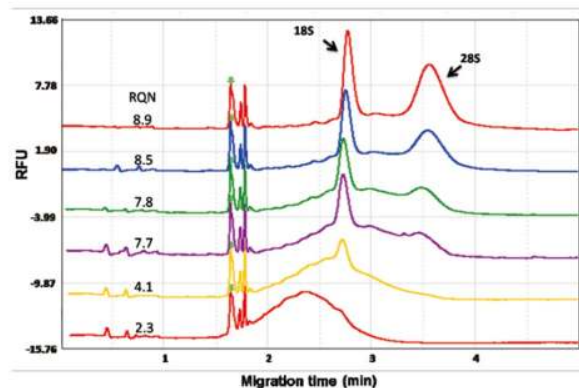
DNA genómico

Análisis de calidad de DNA genómico intacto y degradado. Los resultados muestran los electroferogramas del gDNA, incluyendo sus versiones intactas y degradadas. El gDNA intacto se muestra como una curva grande y completa a la derecha del Ladder. Las tres muestras restantes de gDNA degradado muestra un patrón de fragmentos pequeños ubicados a la izquierda del ladder.



QC de RNA

El RQN (RNA quality Number) determina la integridad del RNA. La monitorización de la integridad del RNA total es un paso típico del control de calidad para los experimentos posteriores como el RNA-seq. A la izquierda se pueden observar un rango de muestras desde RNA intacto (RQN 8.9) hasta degradado (RQN 2.3)

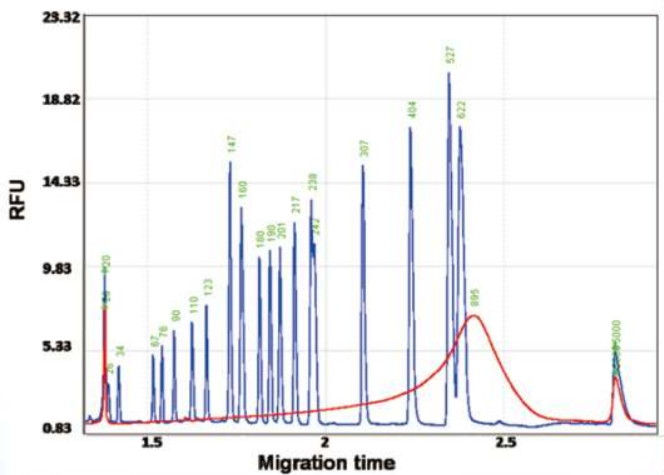


Electroforesis Capilar para Control de Calidad para Secuenciación Masiva

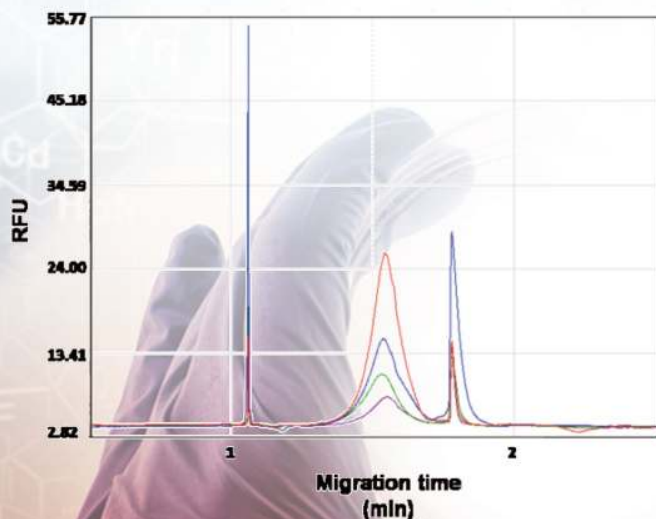
DNA fragmentado y Librerías

Control de calidad de DNA fragmentado. Para obtener secuencias de alta calidad, el tamaño de DNA fragmentado debe ubicarse dentro de un rango crítico, que es dependiente de la plataforma de NGS utilizada. En este caso el DNA fragmentado tiene un tamaño promedio de 895 bp

	Range (bp)	ng/ μ l	% total	nmole/L	Avg. size
Library	100-5000	55.98	99.71%	101.71	846.96
	400-600	7.63	13.62%	23.75	493.97
	600-800	7.16	15.03%	15.53	709.73
	800-1000	9.22	19.37%	15.82	896.50
	1000-1200	5.29	10.40%	7.52	1082.95



Resultado de muestra objeto de una dilución seriada. El tamaño promedio de la librería de DNA es 515 bp. Las concentraciones van de 0.33 ng/ml a 0.07 ng/ml



Resumen

El sistema Qsep es una plataforma de alta calidad útil para NGS, ya que provee una solución simple para monitorizar cada paso de la preparación de librerías, y así asegurar el éxito de la secuenciación. El sistema totalmente automatizado cubre a totalidad el protocolo de control de calidad desde el DNA genómico, RNA total hasta el paso final de la librería de DNA. Con el cartucho en gel listo para usar, los usuarios pueden preparar el instrumento en 1 minuto, y obtener resultados entre 3-5 minutos. Los mismo pueden ser impresos en batch o individualmente con información detallada del experimento.

Características del sistema

- Manejo de muestras automatizado
- Capacidad para procesar 96 pozos
- Cartucho desechable. No requiere preparación de feles. Marcado con RFID para 100-300 corridas.
- Análisis rápido: 2-7 minutos por electroforesis
- Sensibilidad de la detección: Detecta hasta 0,1 ng/ul
- Resolución: 1-4 bp DNA (fragmentos de 100-500 bp)
- Formato de los datos. Electroferograma y formato de imagen de gel.
- Software: Datos digitales para análisis cualitativo y cuantitativo.
- Diseño compacto
- Coste competitivo para el sistema y el consumible.



Qsep1
1-8 muestras
5 min
Monocanal

Qsep100
1-96 muestras
5 horas
Monocanal

Qsep400
1-96 muestras
1.5 horas
Multicanal

Referencias

1. Michael A. Quail et al. A Large genome centre's improvements to the Illumina sequencing system. Nat Methods 5, 1005-1010 (2008).
2. Michael L. Metzker. Sequencing technologies-the next generation. Nat Rev Genetics 11, 31-46 (2010).
3. Desai AN and Jere A. Next generations sequencing: ready for the clinics? Clin Genetics 81, 503-510 (2012).