

 AlloSeq™ Tx 17



**Margot D.,**  
Ricevente di trapianto con cellule staminali

# Più HLA, più che HLA

LA NUOVA GENERAZIONE NEL MATCH GENETICO

**Estensioni dei target genici  
senza impattare sulla routine di  
laboratorio**

**Semplice protocollo in singola  
provetta con aggiunta precoce  
degli indici**

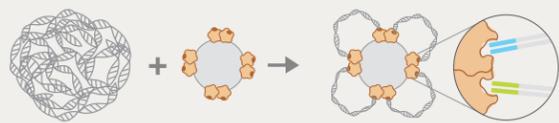
**Assenza di Long-range PCR=  
Assenza di fallimenti di  
amplificazione**

**Analisi software rapida: dai dati  
al risultato in 1 minuto/campione**

# AlloSeq™ Tx 17 offre un protocollo di lavoro in singola provetta ed annulla i fallimenti della long range PCR

## FASE 1 Generazione Della Libreria Whole Genome

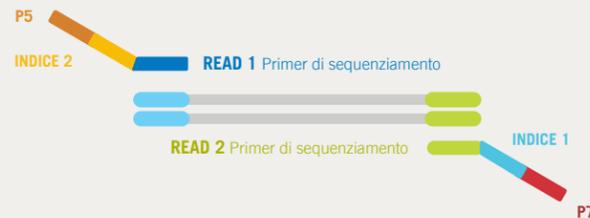
🕒 3.5 ore / 2 ore hands-on



### Tagmentazione

Il DNA genomico viene legato, frammentato e tramite trasposoni in sito sulla biglia gli vengono aggiunti i tag – un campione per pozzetto

**MINOR QUANTITA' DI DNA RICHIESTO: >50 NG DI INPUT**



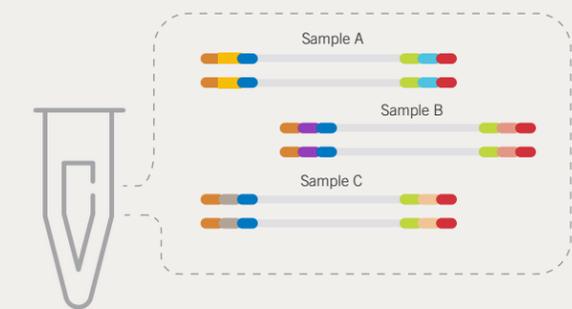
### Lavaggio delle biglie

Rimozione di DNA non legato

### Amplificazione PCR con indici

**Purificazione & selezione dimensionale**

L'indicizzazione precoce consente **UN RIDOTTO RISCHIO DI SCAMBIO DI CAMPIONI**



### Pooling di tutte le librerie campione in un'unica provetta

Non è richiesta alcuna quantificazione manuale del DNA prima del pooling

### OPERAZIONI IN SINGOLA PROVETTA

Ulteriori geni possono essere aggiunti senza impattare il flusso di lavoro

## FASE 2

### Cattura Dei Frammenti Ibridati

🕒 5.5 ore / 2 ore hands-on

**ASSENZA DI PCR LONG RANGE SIGNIFICA:**

**ELEVATO BILANCIAMENTO ALLELICO**

**RIDUZIONE DEL TASSO DI DROP OUT ALLELICO**

**NESSUN ARTEFATTO DA PCR**

### Ibridazione delle sonde

🕒 90 min od overnight a 62°C

### Cattura dei frammenti target

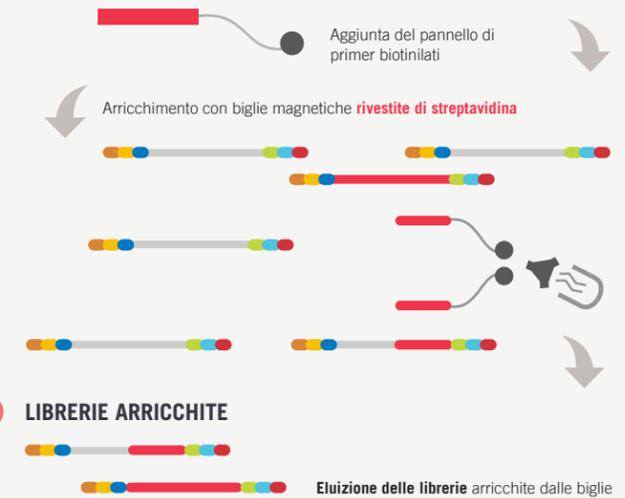
### Amplificazione

### Purificazione

### POOL DI LIBRERIE CAMPIONE



### CATTURA DEI GENI DI INTERESSE



### LIBRERIE INDICIZZATE ED ARRICCHITE PRONTE PER IL SEQUenziAMENTO

## FASE 3

### Sequenziamento

🕒 17-24 ore / 15 min hands-on



### Sequenziamento su piattaforme Illumina

MiSeq, MiniSeq, iSeq

## FASE 4

### Analisi Software

🕒 30 min / 24 campioni

AlloSeq® Assign™

### 1 MIN/CAMPIONE IMPORTATO

\*in base ai test interni, può dipendere da vari fattori

**UN'ALTA VELOCITA' DI IMPORTAZIONE DATI CONSENTE UNA RAPIDA ANALISI**

