

Helicobacter pylori Resistance

VS-HPR0116PHRUO*

Solución integral de NGS para la secuenciación de *Helicobacter pylori* y sus mutaciones de **resistencia a los antimicrobianos** mediante secuenciación de amplicones específicos.

Diseñada para laboratorios de rutina y optimizada para garantizar la eficiencia, la fiabilidad y una implementación sin complicaciones.

Tecnología

Enriquecimiento selectivo basado en amplicones. Garantiza una **alta sensibilidad** y reproducibilidad con una cantidad mínima de ADN.

Flujo de trabajo

- 01 Enriquecimiento e indexación
- 02 Pooling
- 03 Secuenciación
- 04 Análisis bioinformático con V-Xplora

Tiempo total del flujo de trabajo:

~4 horas

Características de rendimiento

- **Identificación sin cultivo** directamente a partir de biopsias gástricas o muestras de heces.
- Detección simultánea de **múltiples mutaciones** asociadas a la resistencia.
- **Mínimos requisitos** de cantidad de ADN.
- Procesamiento multiplex de **hasta 16 muestras**.
- **Reducción del tiempo de manipulación** gracias a un flujo de trabajo optimizado.

Reactivos y formato

- Reactivos **liofilizados** y predosificados.
- Formato **listo para usar**.
- **Protocolo en un solo tubo** para el enriquecimiento y la indexación.

Compatibilidad con plataformas

- Diseñado para tecnologías de **secuenciación de lectura corta**.
- Validado en **plataformas Illumina y AVITI™** (Element Biosciences).
- La compatibilidad con **otras plataformas** (por ejemplo, MGI) puede requerir pasos adicionales de **conversión de bibliotecas**.

Regiones diana

Antibiótico	Gen	Mutaciones clave
Claritromicina	23S rRNA	A2143G, A2142G, A2142C
Fluoroquinolonas	gyrA	N87K/I, D91N/Y/G
Metronidazol	rdxA / frxA	Mutaciones truncadas y con desplazamiento del marco de lectura
Amoxicilina	pbp1A	S414R, T556S, N562Y
Tetraciclina	16S rRNA	A965T + G966T + A967C
Rifabutina	rpoB	Non-synonymous mutations

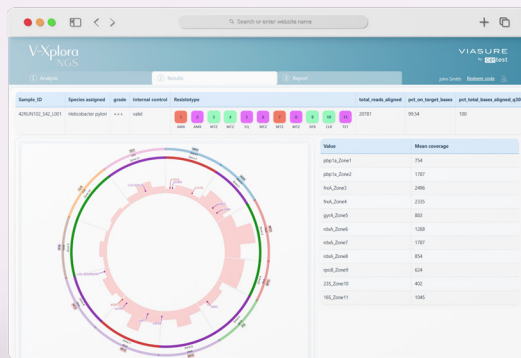
Análisis de datos

Mediante el software **VIASURE V-Xplora**:

- ✓ Flujo de trabajo de FASTQ a informe
- ✓ Detección e interpretación automatizadas de variantes
- ✓ Uso de bases de datos seleccionadas y procesos predefinidos
- ✓ Generación estandarizada de informes
- ✓ Herramientas de visualización para la exploración de datos



No requiere experiencia en bioinformática



Visualización del resistoma basada en Circos en todo el genoma.