

Whole Genome Sequencing

VS-WGS0116PHRUO*

VIASURE WGS NGS Solution está diseñada para el análisis exhaustivo de **genomas bacterianos**, lo que permite la identificación de especies, la caracterización genómica y el análisis de la **resistencia a los antimicrobianos**.

Diseñada para laboratorios de rutina, combina una preparación optimizada de bibliotecas con un análisis totalmente automatizado.

Tecnología

Flujo de trabajo para la preparación de bibliotecas basado en la **fragmentación enzimática del ADN**, seguida de la construcción de la biblioteca y la indexación.

Garantiza una cobertura uniforme para el análisis genómico de alta resolución.

Flujo de trabajo

- 01 Preparación de la biblioteca.
- 02 Secuenciación.
- 03 Análisis bioinformático con V-Xplora.

Tiempo de uso práctico:

~30 minutos

Un flujo de trabajo optimizado que reduce al mínimo los pasos manuales y la complejidad.

Características de rendimiento

- Secuenciación del **genoma completo** de genomas bacterianos.
- Ensamblaje del genoma y análisis posteriores con **V-Xplora**.
- Detección de genes de **resistencia a los antimicrobianos** y mutaciones puntuales.
- Tipificación de alta resolución para **epidemiología** e investigación de brotes.
- Multiplexación de hasta **16 muestras** por ciclo de secuenciación.

Reactivos y formato

- Formato **listo para usar**.
- Reactivos **liofilizados** y ya dosificados.
- Optimizados para garantizar la **reproducibilidad** y facilitar su uso.

Compatibilidad con plataformas

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

Aplicaciones

- **Identificación** de especies bacterianas.
- **Vigilancia** de la resistencia a los **antimicrobianos**.
- **Análisis filogenético**.
- **Investigación de brotes**.

Análisis de datos

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

- ✓ Flujo de trabajo de FASTQ a informe.
- ✓ Ensamblaje y análisis automatizados del genoma.
- ✓ Detección de genes y variantes asociados a la resistencia.
- ✓ Generación de informes estandarizados.
- ✓ Herramientas de análisis filogenético y comparativo.



No requiere experiencia en bioinformática

Run ID	Date	Status	Results
HR34945 033	25/05/2024	60%	Results
HR34987 012	25/05/2024	43%	Results
HR36447 090	24/05/2024	Complete	Results
HR31287 0B4	23/05/2024	Failed process	Results