

Przełom w analizie trudnych próbek. Odkryj moc portfolio XCeloSeq®.

Empowering Clinicians. Supporting Patients.

Wspólne wyzwanie: Ograniczenia analizy NGS w pracy z trudnymi próbkami klinicznymi.

Idealna Próbką



Trudna Próbką (FFPE, Niska Jakość)



Niska ilość materiału wyjściowego (Low Input):

Cenne próbki, z których każda cząsteczka ma znaczenie.



Wysoka fragmentacja:

Uszkodzone, krótkie fragmenty DNA/RNA stanowią wyzwanie dla standardowych metod.



Niska jakość:

Degradacja w próbkach FFPE i obecność jednonuciowych fragmentów obniżają wydajność.



Złożoność analityczna:

Ryzyko utraty kluczowych informacji i niska czułość wykrywania rzadkich wariantów.

Odpowiedź: Technologia ATOM-Seq® – Nowa definicja przygotowania bibliotek.

ATOM-Seq® (Adaptor Template Oligo Mediated Sequencing) to opatentowana, niezależna od ligacji chemia wychwytu, zaprojektowana specjalnie w celu przewyciężenia ograniczeń pracy z próbkami o ultra-niskiej ilości wejściowej, wysokiej fragmentacji i niskiej jakości.



Niezależność od ligacji

Maksymalna wydajność i minimalna utrata cennego materiału.

Bezpośrednie dołączanie UMI

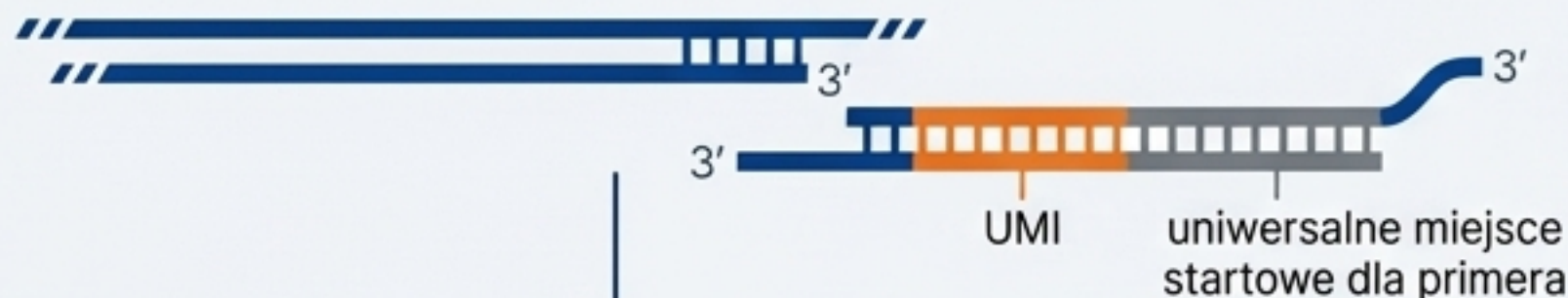
Każda oryginalna cząsteczka jest unikalnie znakowana u źródła.

Wychwyt jednoniciowych matryc

Efektywne przygotowanie bibliotek z wysoce uszkodzonych próbek.

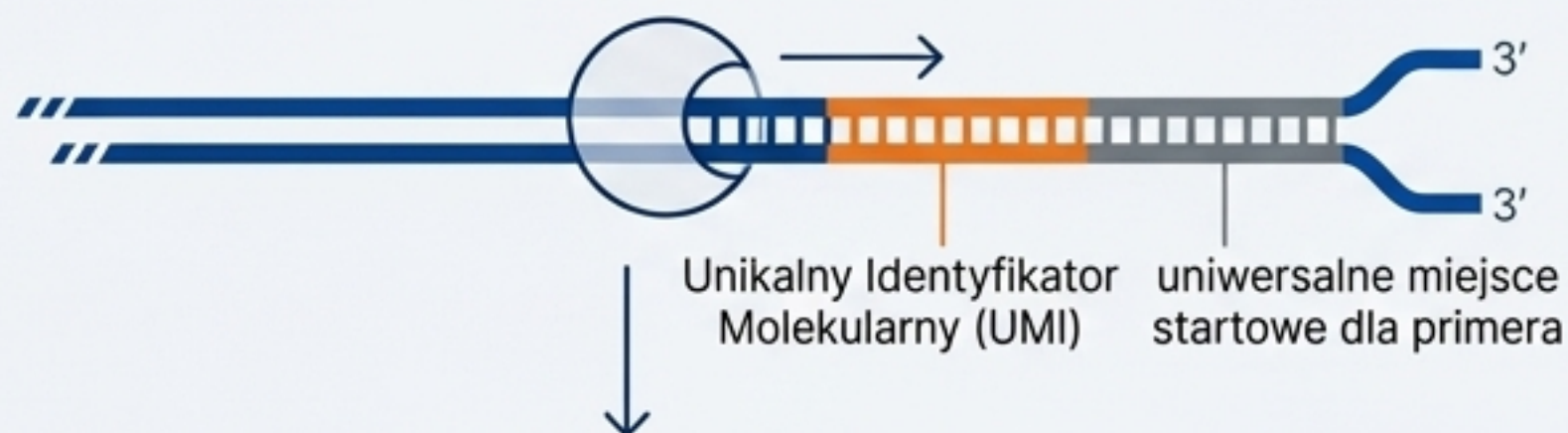
Jak działa ATOM-Seq®: Elegancja i wydajność w jednym kroku.

Step 1: Wychwyt końców 3'



Cząsteczka Adaptor Template Oligo (ATO) hybryduje do końca 3' jednoniciowych i dwuniciowych fragmentów DNA/cDNA.

Step 2: Polimeryzacja



Polimeraza wydłuża fragment, wykorzystując ATO jako matrycę. W tym jednym etapie dołączany jest zarówno **Unikalny Identyfikator Molekularny (UMI)**, jak i **uniwersalne miejsce startowe dla primera**.

Step 3: Amplifikacja



Wszystkie oznakowane cząsteczki są gotowe do amplifikacji z użyciem uniwersalnego startera.

Proces ten eliminuje nieefektywne etapy ligacji, maksymalizując zachowanie materiału genetycznego z próbki.

Przewaga ATOM-Seq®: Od cechy technologicznej do korzyści w Twoim laboratorium.



Wykrywanie nieznanych partnerów fuzji

Wymagany jest tylko jeden starter specyficzny dla danego genu. Umożliwia to identyfikację zarówno znanych, jak i zupełnie nowych rearanżacji genomowych.



Najwyższa czułość analityczna

Wbudowane UMI pozwalają na bioinformatyczną korekcję błędów polimerazy i precyzyjną ocenę ilościową, co jest kluczowe przy wykrywaniu rzadkich wariantów.



Nieźrównana wydajność z trudnych próbek

Bezstratny, niezależny od ligacji proces gwarantuje, że nawet najmniejsza ilość DNA z próbek cfDNA czy FFPE zostanie efektywnie przekształcona w bibliotekę.

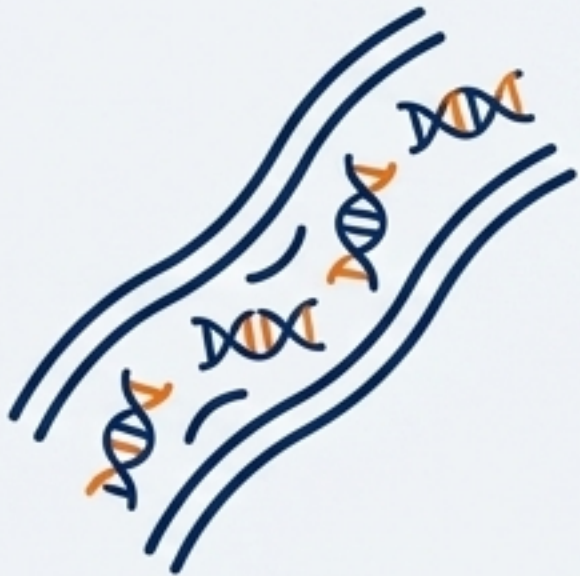


Zwiększona pewność wyników

Możliwość niezależnego targetowania nici sensownej i antysensownej zapewnia podwójne pokrycie i dodatkową weryfikację wykrytych wariantów.

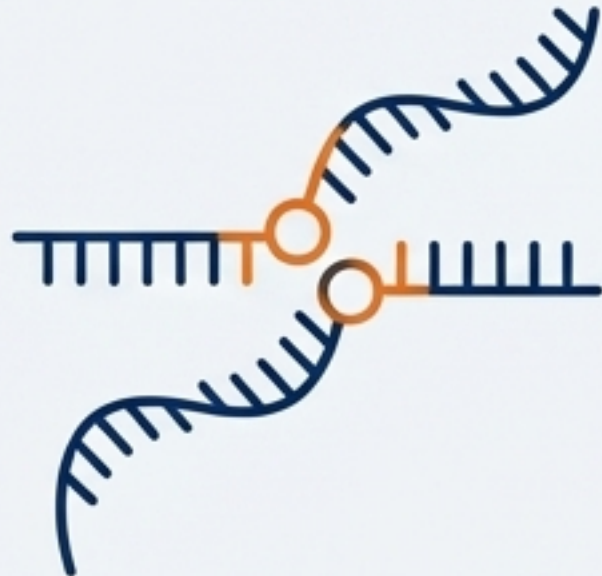
Portfolio XCeloSeq®: Technologia ATOM-Seq w gotowych do użycia zestawach.

Przedstawiamy kompletną gamę rozwiązań NGS zaprojektowanych, aby wspierać podejmowanie decyzji klinicznych i badania onkologiczne.



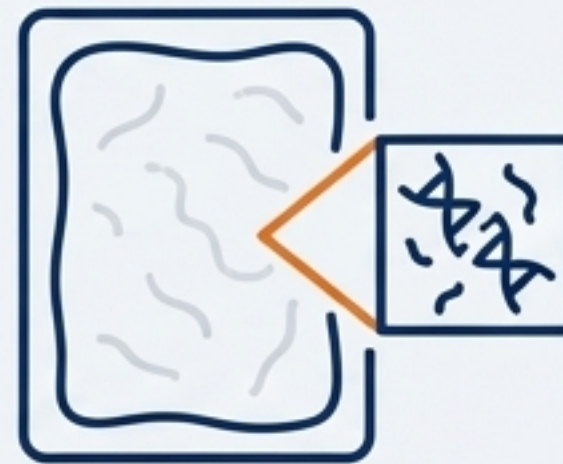
XCeloSeq cfDNA Kits

Dla maksymalnego wychwytu krążącego DNA nowotworowego.



XCeloSeq RNA Kits

Do kompleksowej detekcji fuzji genowych.



XCeloSeq High-Sensitivity FFPE Kits

Zoptymalizowane dla próbek tkankowych.

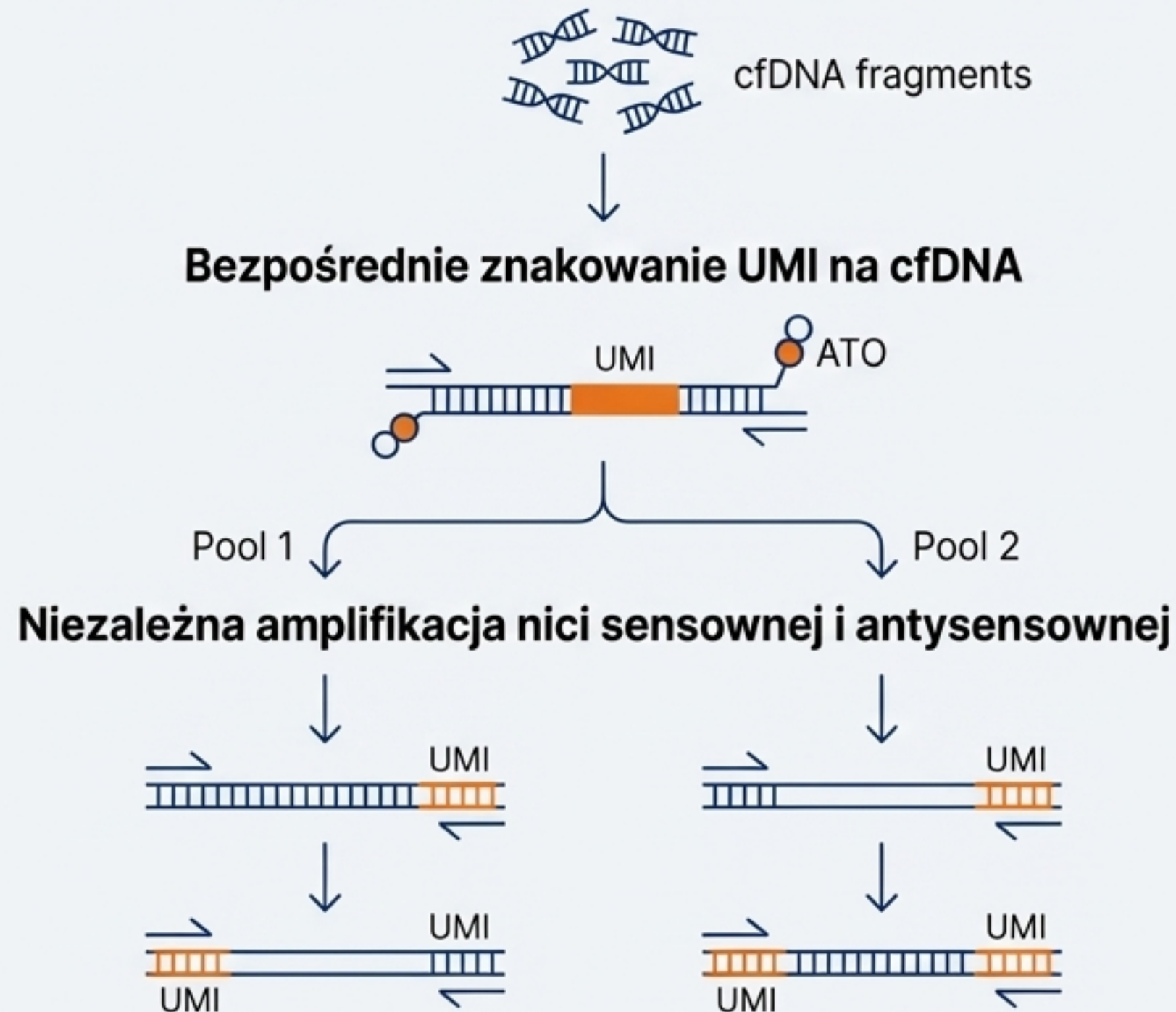


XCeloSeq Custom Kits

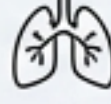
Możliwość tworzenia paneli na zamówienie.

Analiza cfDNA z najwyższą precyzją.

Zestawy XCeloSeq® cfDNA maksymalizują wychwyt i czułość detekcji rzadkich mutacji.



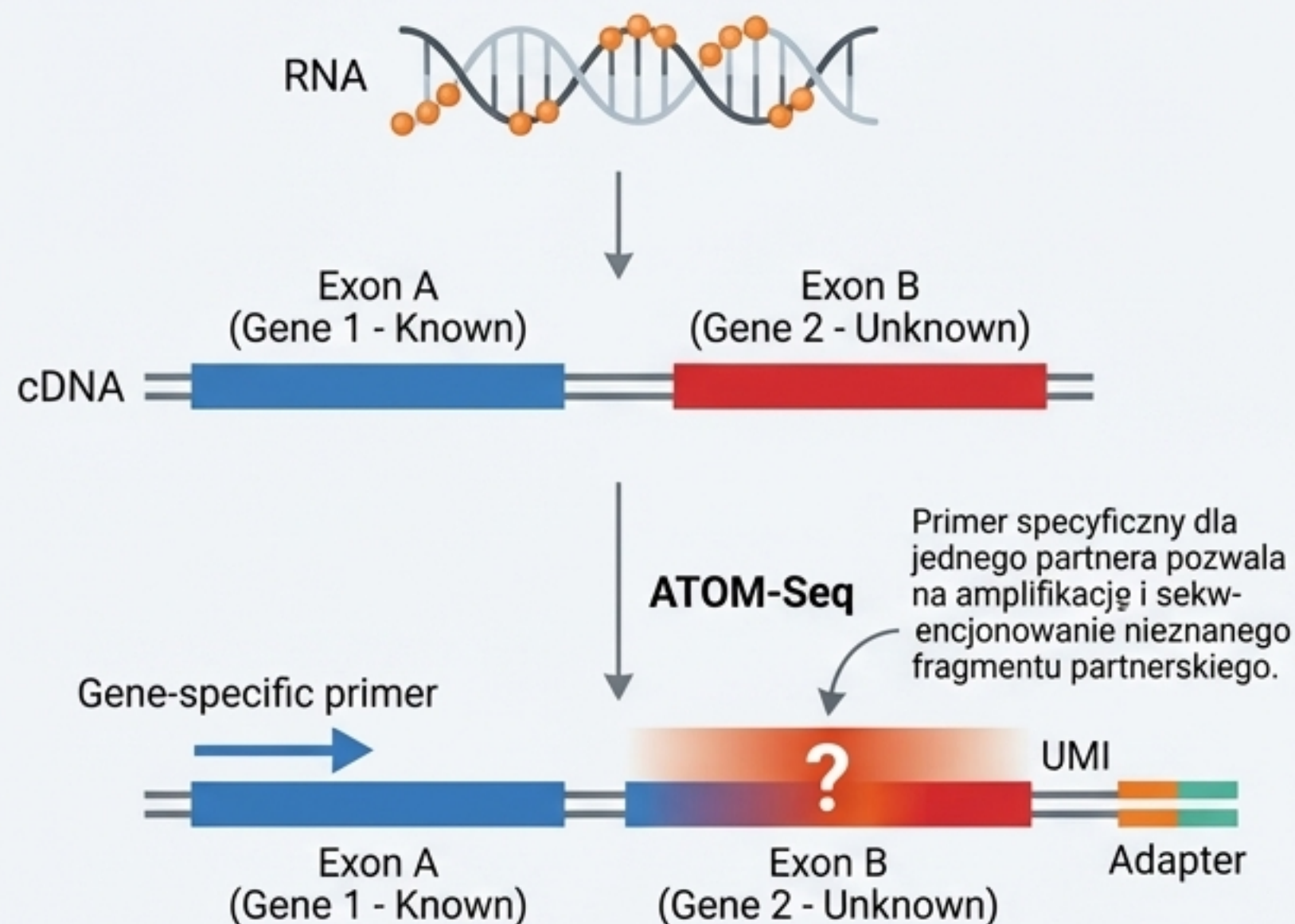
Dostępne panele:

-  Pan Cancer cfDNA Kit (100 genów)
-  Colon Cancer cfDNA Kit (23 geny)
-  Lung Cancer cfDNA Kit (15 genów)
-  Breast Cancer cfDNA Kit (12 genów)

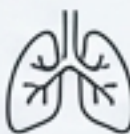
Kluczowa informacja: Rekomendowana ilość wejściowa: 5-50 ng cfDNA.

Detekcja fuzji genowych bez kompromisów.

Identyfikuj znane i nieznane rearanżacje z próbek RNA dzięki zestawom XCeloSeq® RNA.



Przykłady dostępnych paneli:

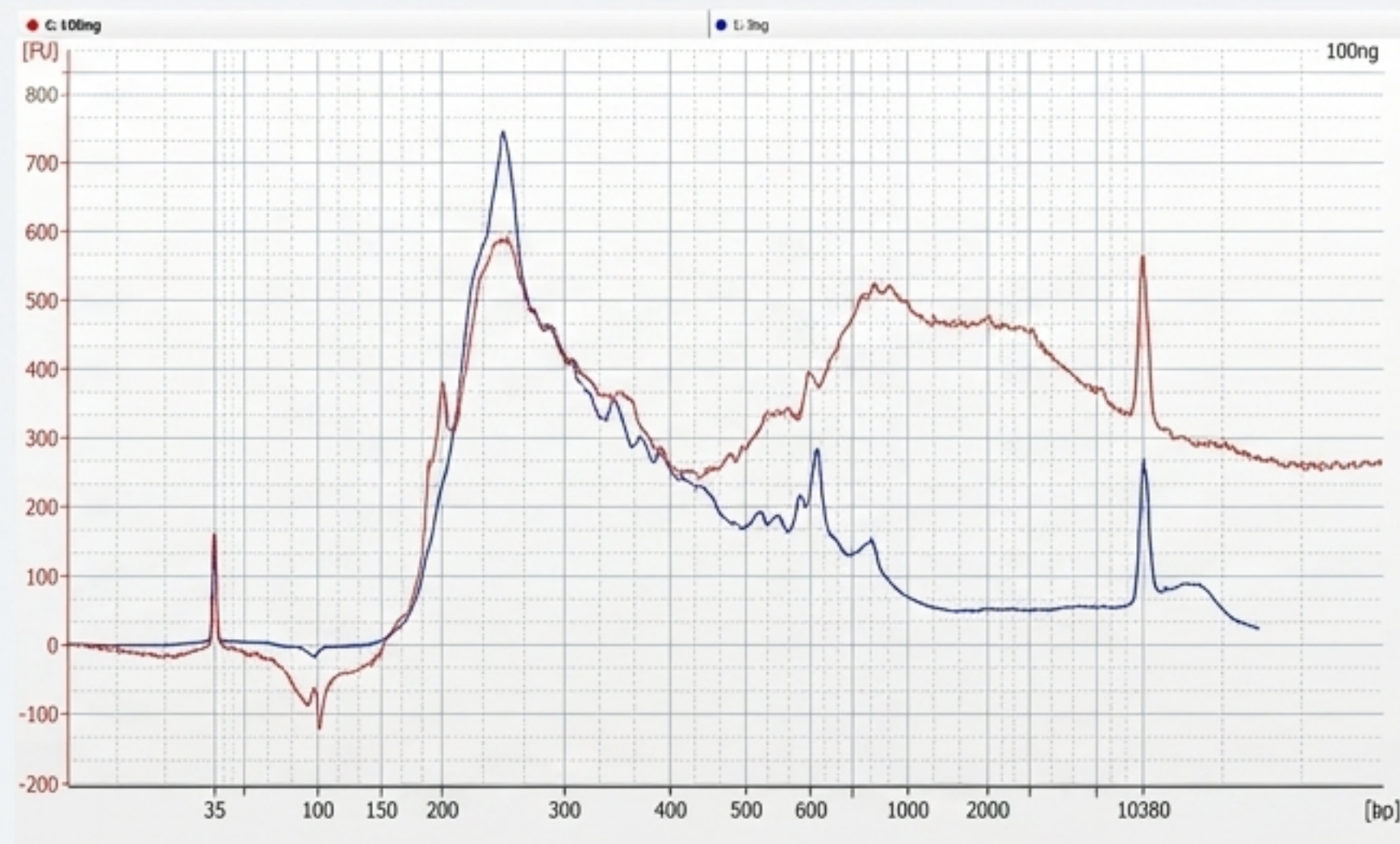
-  Fusion Research Kit (74 geny)
-  Lung Cancer Fusion Kit (15 genów)
-  Solid Cancer Fusion Kit (53 geny)
-  Sarcoma Fusion Kit (26 genów)
-  Myeloid / ALL Fusion Kits

****Kluczowa informacja**** Zoptymalizowane dla RNA z FFPE. Rekomendowana ilość wejściowa: 5-200 ng.

Dowód wydajności: Jakość bibliotek, która mówi sama za siebie.

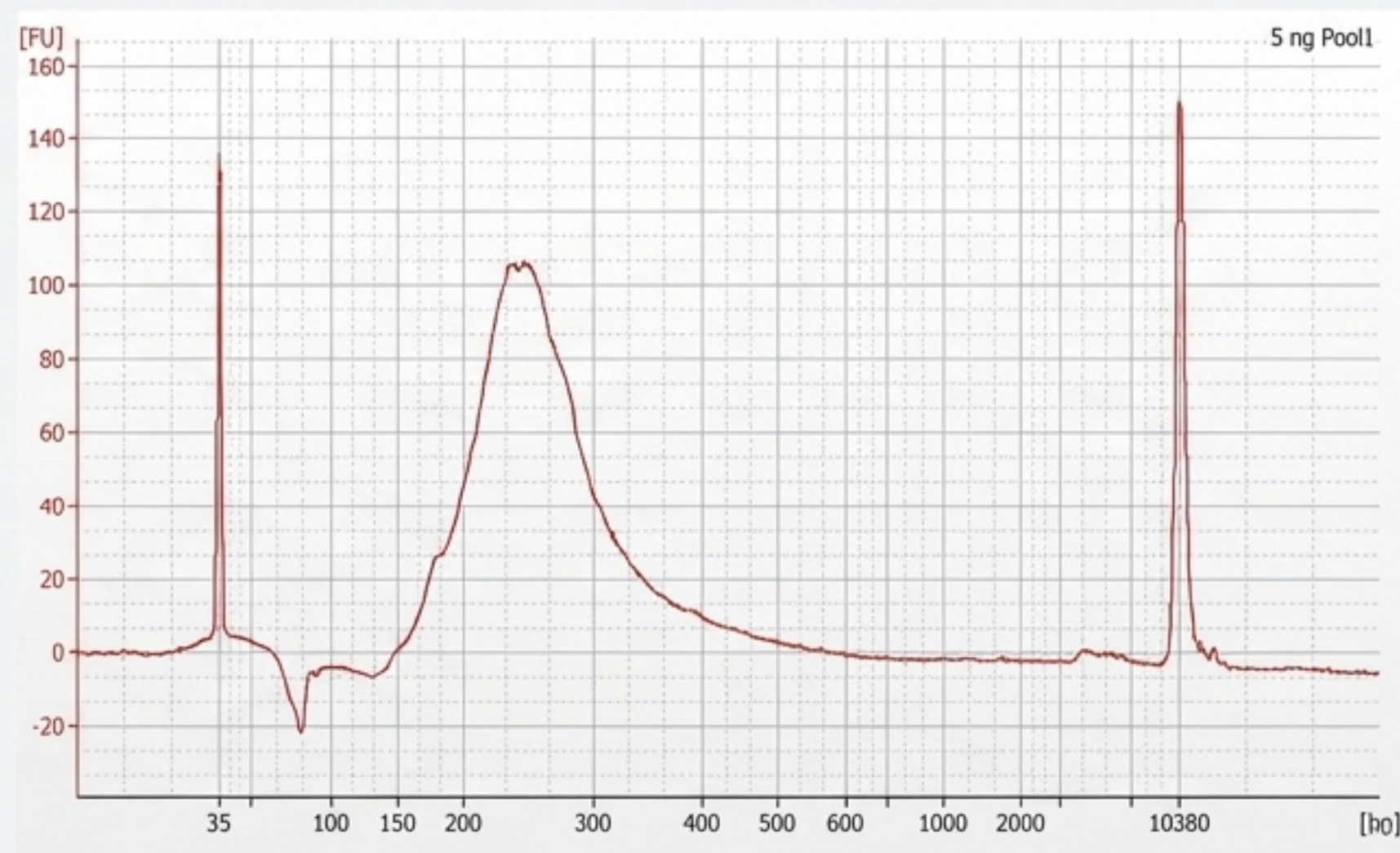
Reprezentatywne dane z analizy gotowych bibliotek NGS przygotowanych przy użyciu zestawów XCeloSeq®.

Bioanalyzer trace for RNA libraries, recreated from <IMAGE 0.



Profil biblioteki z XCeloSeq RNA Fusion Kit. Wysoka wydajność i czystość nawet przy 5 ng wysokiej jakości RNA wejściowego.

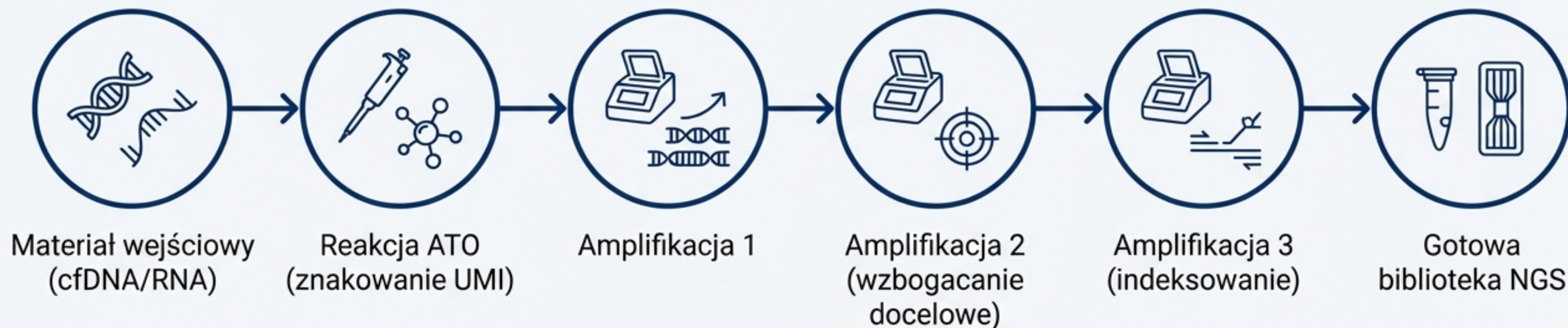
Bioanalyzer trace for cfDNA libraries, recreated from <IMAGE 1.



Profil biblioteki z XCeloSeq Pan Cancer cfDNA Kit. Wyraźny, pojedynczy pik o oczekiwanej wielkości (~260bp) z 5 ng DNA.

Zoptymalizowany i prosty workflow.

Mniej czasu przy pipetach, więcej czasu na analizę danych.



~7.5 godziny

Całkowity czas protokołu



~2 godziny

Czas pracy manualnej (Hands-on time)



Kompletne portfolio XCeloSeq dla onkologii.

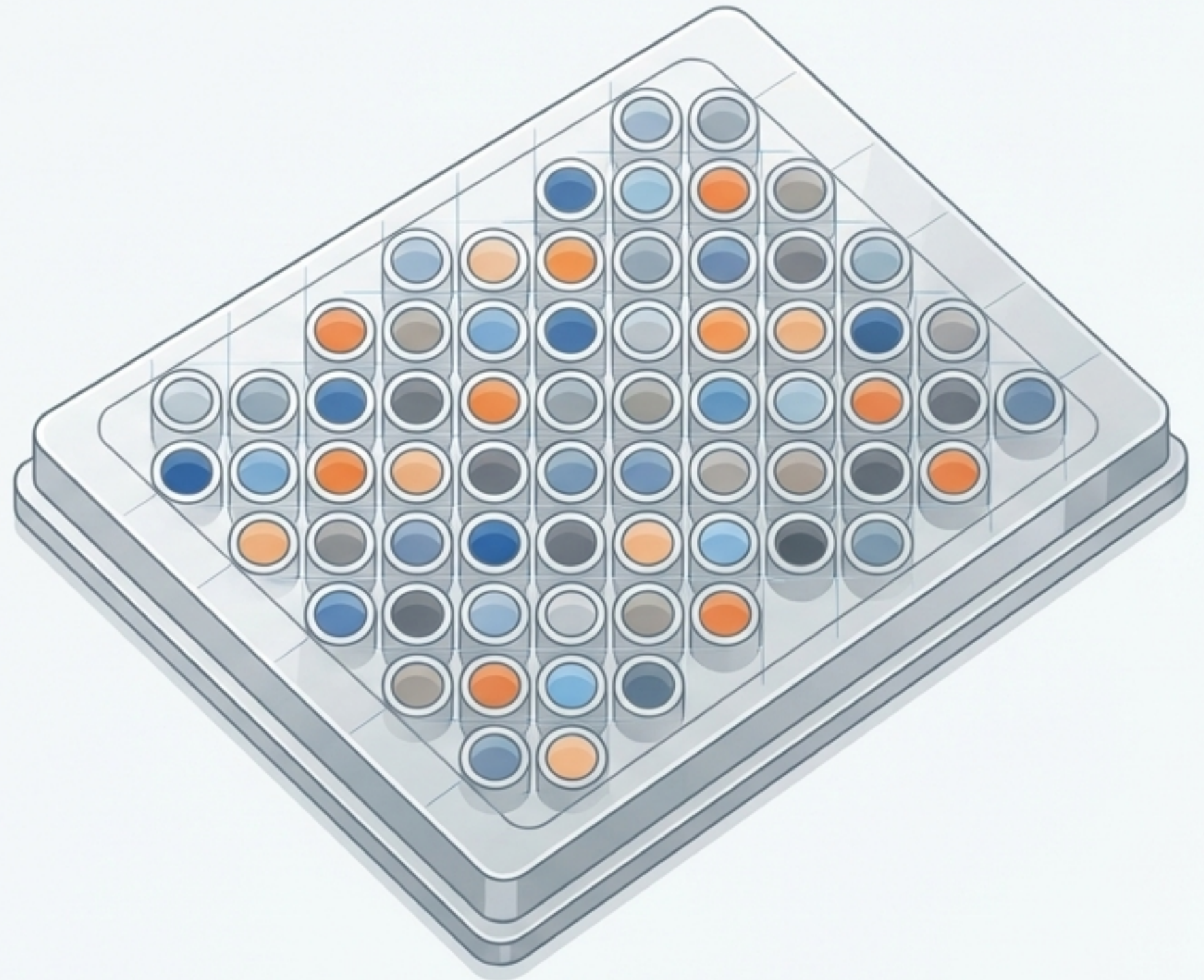
Obszar Zastosowania	Typ próbki: cfDNA	Typ próbki: FFPE (RNA / DNA)
Pan-Cancer	Pan Cancer cfDNA Kit	Fusion Research Kit (RNA) Solid Cancer Fusion Kit (RNA)
Rak Płuca (Lung Cancer)	Lung Cancer cfDNA Kit	Lung Cancer Fusion Kit (RNA)
Rak Jelita Grubego (Colon Cancer)	Colon Cancer cfDNA Kit	Precision Colon Cancer+ (DNA) Colon Cancer (DNA)
Rak Piersi (Breast Cancer)	Breast Cancer cfDNA Kit	–
Mięsaki (Sarcoma)	–	Sarcoma Fusion Kit (RNA)
Nowotwory Mieloidalne / Chłoniaki	–	Myeloid Fusion Kits (RNA) Lymphoma Fusion Kit (RNA)
Ostra Białaczka Limfoblastyczna (ALL)	–	ALL Fusion Kit (RNA)

Elastyczne multipleksowanie dla wysokiej przepustowości.

Zestawy XCeloSeq® UDI (Unique Dual Index) umożliwiają multipleksowanie do 96 próbek w jednym biegu sekwencjonowania, zapewniając efektywność kosztową i maksymalne wykorzystanie platformy NGS.

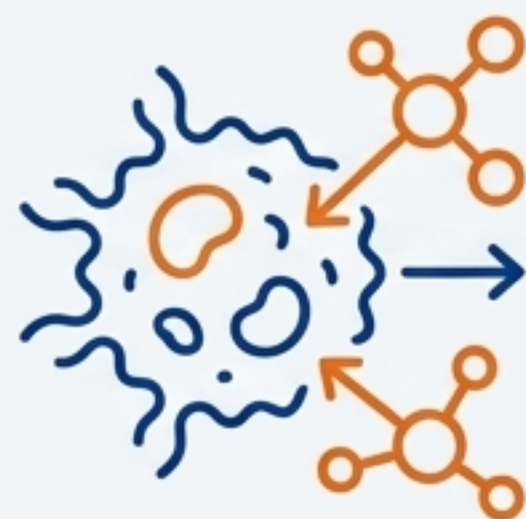
- Dostępnych 12 zestawów UDI (od 1-01 do 1-12).
- Kompatybilne ze wszystkimi zestawami XCeloSeq.
- Zapewniają najwyższą jakość demultipleksowania danych.

Wstępnie przygotowane 'sample sheets' są dostępne do pobrania na stronie GeneFirst, co dodatkowo upraszcza przygotowanie biegu.



GeneFirst: Twój partner w innowacjach dla medycyny.

Nasze portfolio, oparte na **unikalnych technologiach** takich jak **ATOM-Seq** (NGS), MPA (qPCR) i MMD (qPCR), dostarcza przełomowe rozwiązania w kluczowych obszarach **opieki zdrowotnej**.



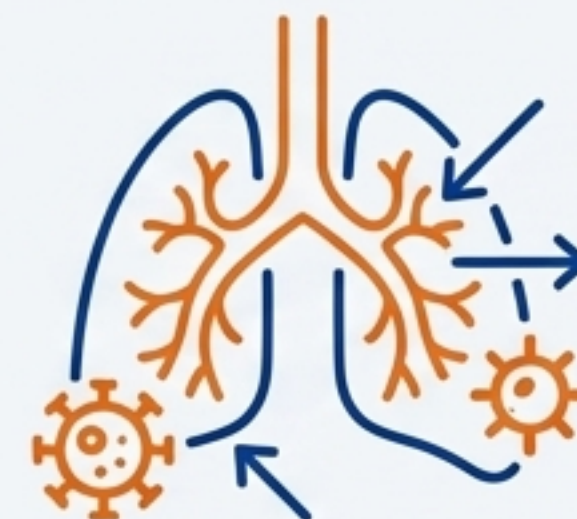
Onkologia

Precyzyjne rozwiązania NGS i qPCR do analizy trudnych próbek klinicznych.



Zdrowie Kobiet

Unikalne testy HPV-DNA i HPV-RNA oparte na technologii multipleksowania MPA do badań przesiewowych w kierunku raka szyjki macicy.



Infekcje Układu Oddechowego

Multipleksowe panele MPA do szybkiej i czułej detekcji patogenów.

Zrób kolejny krok. Odkryj potencjał XCelSeq w swoim laboratorium.

Poznaj szczegóły techniczne

Pobierz dokumentację i IFU

Skontaktuj się z naszym ekspertem

✉ **Email:** sales@genefirst.com

📍 **Address:** GeneFirst Limited, Unit 2 The Quadrant, Abingdon Science Park, Abingdon, Oxfordshire, OX14 3YS, United Kingdom

☎ **Phone:** +44 (0)1865 407 400



Empowering Clinicians. Supporting Patients.