



Condalab te invita a un *Learn and Brunch* sobre NGS.

TISA-PARQUE CIENTÍFICO Y TECNOLÓGICO DE BIZKAIA
EDIFICIO BARCO (SALA GASTATXU)

15.MARZO.2023 | 10h - 12.30h

Las técnicas de secuenciación masiva o NGS se han convertido en una herramienta imprescindible en cualquier estudio genético de hoy en día. Como usuarios es importante conocer las diferentes herramientas que nos ofrece el mercado para estudios de DNA y RNA-seq, lo que te permitirá abordar cualquier proyecto de forma exitosa independientemente de si partes de muestras de buena calidad o muestras complicadas (FFPE) y de poca cantidad de partida.

Desde Condalab, te invitamos a este evento en el que hablaremos del *workflow* completo de NGS y donde la Dra. Ana M^o Aransay compartirá su experiencia y resultados con uno de nuestros kits para muestras de RNA de parafina y *low input*.



NGS, SOLUCIONES DE PRINCIPIO A FIN

10h - 11.30h

Javier Escalante

Especialista en Aplicaciones NGS en Condalab.

Javier Escalante, con más de 13 años de experiencia en el sector de la NGS como colaborador en el Proyecto Genoma Humano y en el Dpto. de Genética del H. Virgen del Rocío de Sevilla, nos contará su experiencia sobre la importancia de cada uno de los pasos en el flujo de trabajo de la NGS, desde la toma y preservación de las muestras hasta el proceso de normalización. Además, nos hablará de las principales aplicaciones de los kits de preparación de librerías SMARTer y de todas las soluciones que Condalab ofrece dentro del workflow.

BRUNCH | 11.30h - 12h



**RECOMENDACIONES PARA APROVECHAR LA VERSATILIDAD DEL
KIT SMARTer STRANDED PICO V3**

12h - 12.30h

Dra. Ana M^o Aransay

Responsable de la Plataforma de Genómica del CIC bioGUNE (Bizkaia).

En la presentación, la Dra. Ana M^o Aransay compartirá con otros usuarios su experiencia con el uso del kit SMARTer Stranded Total RNA-Seq Kit v3 Pico Input Mammalian de Takara. En la misma, hablará tanto de la versión 2 como la versión 3, con diversos tipos de RNA (RNA de alto RIN, RNA de tejidos FFPE y RIPs). Así mismo expondrá ciertas recomendaciones en cuanto a los tiempos de fragmentación, los ciclos de amplificación y los controles de calidad intermedios que realizan en la plataforma de análisis de genomas de CIC BioGUNE para que todas, o al menos la mayor parte de las librerías, se puedan secuenciar.