



CORPORACIÓN CORPOGEN

Carrera 5 No 66A-34

Bogotá, Colombia

Tels: 8050118/19 Ext. 104

Fax: 3484607

E-mail: servicios@corpogen.org

SERVICIO DE SECUENCIACION DE ACIDOS NUCLEICOS

El servicio de secuenciación de DNA se realiza por “Extensión del iniciador” sobre productos de PCR o plásmidos usando iniciadores universales o aquellos escogidos por el cliente.

Las muestras y los iniciadores respectivos según las siguientes especificaciones:

MUESTRA	CONCENTRACIÓN	VOLUMEN
DNA plasmídico	100 ng/ μ l	30 μ l/reacción
Fragmento de PCR	100 ng/ μ l	30 μ l/reacción
Iniciadores	10 pmol/ μ l	20 μ l/5 reacciones

El DNA plasmídico debe estar purificado por medio de algún kit comercial apropiado. Se debe entregar disuelto en agua desionizada. No use tampón Tris-EDTA (TE) para diluir o resuspender el DNA plasmídico pues el EDTA inhibe la reacción de la secuenciación.

En caso de tratarse de fragmentos de PCR, el servicio incluye su purificación previa a la reacción de secuenciación.

Generalmente la concentración es adecuada, si 1 μ l del producto es visible en una electroforesis en gel de agarosa como una sola banda del tamaño correcto y sin barridos.

Los iniciadores deben estar diluidos en agua desionizada a una concentración de 10 pmol/ μ l (60ng/ μ l) en un volumen mínimo de 20 μ l y deben cumplir además con los siguientes parámetros:

- Alta pureza.
- Una longitud entre 18 y 25 bases.
- Un contenido de GC entre el 40% y el 60%.
- Un Tm entre 55°C y 60°C.
- Estar libres de sales, EDTA u otros contaminantes.
- Que no tengan otros sitios de unión, ni desapareamientos.
- No formar estructuras secundarias.

Enviar todos los datos en el formato de secuenciación, así como una foto de la electroforesis del producto de PCR.

Se dispone para la secuenciación de los iniciadores universales listados en la tabla adjunta.

COSTOS

SERVICIO DE SECUENCIACIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS	
REACCIÓN DE SECUENCIA POR EXTENSIÓN DE INICIADOR	VALOR UNITARIO (Por reacción)*
	\$ 30,000

- En estos precios está incluido el 16% del IVA.
- Forma de pago: 30 días fecha factura

TIEMPO DE ENTREGA

- Dos (2) semanas después de recibir la orden de servicio.

DIRECCIÓN DE ENVÍO DE LAS MUESTRAS

Corporación CorpoGen
Carrera 5 No 66ª-24
Bogotá

SERVICIO DE SECUENCIACIÓN ESPECIAL DE ÁCIDOS NUCLEICOS

El servicio de secuenciación especial de ácidos nucleicos está destinado a resolver problemas de secuencias que fallan con la estrategia de secuenciación normal debido especialmente a:

- Formación de estructuras secundarias.
- Presencia de secuencias repetitivas.
- DNAs ricos en G/C ó A/C.
- DNAs con regiones homopoliméricas.

Es especialmente exitoso para los casos de corte súbito de la señal

No obstante lo anterior, los resultados son muy dependientes de la muestra y no se puede garantizar el éxito de la secuencia en todos los casos.

COSTOS

Cincuenta mil pesos por reacción (\$ 50.000).

En este precio está incluido el 16% del IVA.

En caso de fallar la secuencia, el costo sería el de una secuenciación normal.

TIEMPO DE ENTREGA

Tres (3) semanas después de recibir las muestras y la orden de servicio.

Para mayor información contactar a Walter Ocampo Moure
Area Producción y Servicios Biología Molecular
Corporación CorpoGen
Tels: 8050118/19/22 – Exts. 104-106
servicios@corpogen.org

INICIADORES UNIVERSALES

INICIADOR	SECUENCIA (5' - 3')	No bases
Bluescript SK	CGCTCTAGAACTAGTGGATC	20
EBV-RP	GTGGTTTGTCCAAACTCATC	20
KAN2-FP	ACCTACAACAAAGCTCTCATCAACC	25
KAN2-RP	GCAATGTAACATCAGAGATTTTGAG	25
M13-FP	TGTAAAACGACGGCCAGT	18
pBacPAC-RP	GTCTGTAAATCAACAACGC	19
pBAD-FP	ATGCCATAGCATT TTTATCC	20
pDONOR-FP	TAACGCTAGCATGGATCTC	19
pEGFP_N	CCGTCCAGCTCGACCAG	17
pEGFP-FP	TTTAGTGAACCGTCAGATC	19
pEGFP-RP	AACAGCTCCTCGCCCTTG	18
pESP-RP	TCCAAAAGAAGTCGAGTGG	18
pET-24a	GGGTTATGCTAGTTATTGCTCAG	23
pET-RP	CTAGTTATTGCTCAGCGG	18
pMalE	TCAGACTGTCGATGAAGC	18
pREP-fwd	GCTCGATACAATAAACGCC	19
35S-A	AAGGGTCTTGCGAAGGATAG	20
35S-B	AGTGGAAGGAAGGTGGCT	20
AD Reverse	AGATGGTGCACGATGCACAG	20

INICIADOR	SECUENCIA (5´ - 3´)	No bases
CYC1 Reverse	GCGTGAATGTAAGCGTGAC	19
DsRed1-C	AGCTGGACATCACCTCCCACAACG	24
DsRed1-N	GTA CTGGA ACTGGGGGGACAG	21
EGFP-C	CATGGTCCTGCTGGAGTTCGTG	22
EGFP-N	CGTCGCCGTCCAGCTCGACCAG	22
GAL1 Forward	AATATACCTCTATACTTTAACGTC	24
U-19mer Primer	GTTTTCCCAGTCACGACGT	19
T7 EEV	ATGTCGTAATAACCCCGCCCG	22
Bluescript KS	TCGAGGTCGACGGTATC	17
pFastBac Forward	GGATTATTCATACCGTCCCA	20
pFastBac Reverse	CAAATGTGGTATGGCTGATT	20
AOX1 Forward	GACTGGTTCCAATTGACAAGC	21
AOX1 Reverse	GCAAATGGCATTCTGACATCC	21
a-Factor	TACTATTGCCAGCATTGCTGC	21
S Tag 18mer Primer	GAACGCCAGCACATGGAC	18
MT Forward	CATCTCAGTGCAACTAAA	18
QE Promoter	CCGAAAAGTGCCACCTG	17
pRH Forward	CTGTCTCTATACTCCCCTATAG	22
pRH Reverse	CAA AATTCAATAGTTACTATCGC	23
SV40-pArev	CCTCTACAAATGTGGTATGG	20
SV40-Promoter	GCCCCTAACTCCGCCCATCC	20

INICIADOR	SECUENCIA (5´ - 3´)	No bases
pTrcHis Forward	GAGGTATATATTAATGTATCG	21
pJET1.2R	AAGAACATCGATTTTCCATGGCAG	24
T7	AATACGACTCACTATAG	17
T7terminator	GCTAGTTATTGCTCAGCGG	19
T7promoter	TAATACGACTCACTATAGGG	20
T3	ATTAACCCTCACTAAAG	17
SP6	ATTTAGGTGACACTATAG	18
M13F-pUC	GTTTTCCAGTCACGAC	17
M13R-pUC	CAGGAAACAGCTATGAC	17
M13F	GTAAAACGACGGCCAGT	17
M13R	GCGGATAACAATTCACACAGG	22
pGEX5	GGCAAGCCACGTTTGGTG	18
pGEX3	GGAGCTGCATGTGTCAGAGG	20
27F	AGAGTTTGATCMTGGCTCAG	20
1492R	TACGGYTACCTTGTTACGACTT	22
518F	CCAGCAGCCGCGGTAATACG	20
800R	TACCAGGGTATCTAATCC	18
ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	19
ITS2	GCTGCGTTCTTCATCGATGC	20
ITS3	GCATCGATGAAGAACGCAGC	20
ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC	20

INICIADOR	SECUENCIA (5´ - 3´)	No bases
BGH-R	TAGAAGGCACAGTCGAGG	18
CMV-F	CGCAAATGGGCGGTAGGCGTG	21
RVprimer3	CTAGCAAATAGGCTGTCCC	20
RVprimer4	GACGATAGTCATGCCCCGCG	20
GLprimer1	TGTATCTTATGGTACTGTA ACTG	23
GLprimer2	CTTTATGTTTTTGGCGTCTTCCA	23
pQE-F	CCCGAAAAGTGCCACCTG	18
pQE-R	GTTCTGAGGTCATTA CTGG	19
Gal4AD	TACCACTACAATGGATG	17
pBAD-F	ATGCCATAGCATT TTTATCCA	21
pBAD-R	GATTTAATCTGTATCAGG	18
EGFP-CF	AGCACCCAGTCCGCCCTGAGC	21
EGFP-CR	CGTCCATGCCGAGAGTG	17
EGFP-NR	CGTCGCCGTCCAGCTC	16