

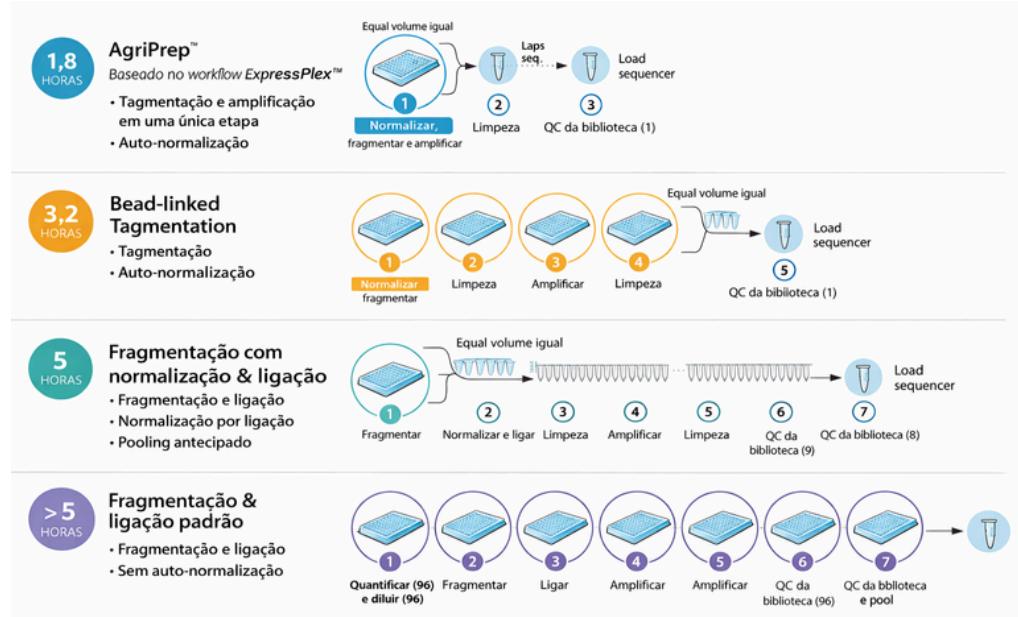
# Sinapse agora distribui soluções SeqWell no Brasil!

Tecnologia de preparação de bibliotecas que acelera seus fluxos de trabalho genômicos.



## AgriPrep™ Library Prep Kit

Projetado para low-pass whole genome sequencing e SKIM-seq, o AgriPrep™ simplifica o preparo de bibliotecas com redução de até 95% no uso de consumíveis, menos etapas manuais e um workflow rápido de aproximadamente 100 minutos, garantindo eficiência, padronização e alto rendimento de dados.



## Guia Comparativo de Kits seqWell

Produto	ExpressPlex™ 2.0	purePlex™	plexWell™	MosaicX™ (Acesso antecipado)	LongPlex™
Aplicações principais	• Sequenciamento de plasmídeos e amplicons • WGS microbiano / pequeno genoma	• Variantes de baixa frequência em plasmídeos e amplicons • WGS microbiano / pequeno genoma • WGS humano / grande genoma (baixa cobertura) • Sequenciamento metagenômico	• Variantes de baixa frequência em plasmídeos e amplicons • WGS microbiano / pequeno genoma • WGS humano / grande genoma (baixa cobertura)	• Sequenciamento do genoma humano completo (WGS) • Sequenciamento do exoma humano (WES) • Painéis de captura germinativos humanos • WGS vegetal e animal + painéis de captura	• Sequenciamento de leituras longas - WGS microbiano / pequeno genoma - Captura híbrida direcionada - Sequenciamento metagenômico - Genomas grandes (baixa cobertura)
Enzima de transposase	TnX	Tn5 hiperativa	Tn5 hiperativa	TnX	Tn5 hiperativa
Tipos de amostra	Amplicons (>350 pb), plasmídeos, PCR de colônia, DNA genômico	Amplicons (>500 pb), plasmídeos, DNA genômico	Amplicons (>500 pb), plasmídeos, DNA genômico	DNA genômico	DNA genômico
Tempo total de prepaço (tempo manual)	100 min (30 min)	155 min (45 min)	190 min (55 min)	90 min (35 min)	105–225 min* (40 min)
Massa de entrada	1–40 ng	5–50 ng (dependendo do tamanho do lote)	3–30 ng; 5–25 ng (~10 ng médio)	50–100 ng	150–500 ng
Método de indexação	CDI	UDI	CDI	Qualquer indexação compatível com fragmentação ou primers personalizados	UDI
Tamanho do lote	8–96 ou 384*	8–24	96	1–96	1–24*
Número de amostras por kit	96 / 384 / customizado	96	96 / 384	24 / 96	96
Número de combinações únicas de índices disponíveis	Até 6144	384	96 / 2304	N/A	96
Leituras paired-end (clusters) suportadas por amostra	≤ 4 milhões	≤ 20 milhões	≤ 4 milhões ou ≤ 20 milhões	≥ 400 milhões	N/A

\*dependendo do protocolo