

## 1. SEQ-Quickview (S001)

Ihre DNA-Proben werden mit Standard-Vektorprimer oder Kundenprimer sequenziert. Sie erhalten die automatisch prozessierten Sequenzdaten. Abhängig von der Template-Qualität können Leselängen von bis zu 1000 nt pro Lauf generiert werden. Die Ergebnisse (.ab1 und .seq Dateien) liegen in der Regel taggleich, spätestens am folgenden Arbeitstag nach Probeneingang vor.

- **Vorbereitung**

Bei diesem Service benötigen wir die Proben und Primer in separaten Reaktionsgefäßen oder auf Platte.

- in Wasser eluiert / gelöst, keinesfalls in TE
- Proben & Primer getrennt, in farblosen Eppis
- Standard-Vektor Primer: bei 4BL vorhanden und kostenlos
- Proben & Primer werden bis zu 4 Wochen gelagert

Template			Primer	
Proben Art	Konzentration	Volumen pro (1-5) Run	Konzentration	Volumen pro (1-5) Run
PCR-Fragment gereinigt/ungereinigt	5ng/µl/100bp	20µl	5 pmol/µl	10µl
Plasmid	100-200ng/µl	20µl	5 pmol/µl	10µl
BAC/PAC/Cosmid	200-500ng/µl	20µl	10 pmol/µl	10µl

## 2. SEQ-Standard (S002)

Ihre Proben (DNA) werden mit Standard-Vektorprimer oder Kundenprimer sequenziert. Die Sequenzdaten werden anschließend editiert. Bei laborbedingten Problemen wird die Sequenzierung kostenlos wiederholt. Die Ergebnisse (.ab1 und .seq Dateien) liegen in der Regel taggleich, spätestens am folgenden Arbeitstag nach Probeneingang vor.

- **Vorbereitung** siehe (SEQ-Quickview)

### 3. SEQ-GC reich (S004)

Haben Sie schwierige DNA-Templates mit moderaten GC-Gehalt? Kein Problem! Für die Sequenzierung Ihrer Proben werden spezielle Modifikation eingesetzt. Es können sowohl Standardprimer als auch Kundenprimer eingesetzt werden. Eine automatische Neusequenzierung bei erfolgloser Sequenzierung ist kostenfrei. Die Ergebnisse (.ab1 und .seq Dateien) liegen in der Regel taggleich, spätestens am folgenden Arbeitstag nach Probeneingang vor.

- **Vorbereitung** siehe (SEQ- Quickview)

### 4. SEQ-Sekundärstruktur (S006)

Erweiterte, optimiertes Protokoll für komplexe Sequenzregionen wie DNA-Templates mit komplexen Sekundärstrukturen, langer Heterohomopolymerbereiche, palindromische Sequenzen, Sequenzen mit Tandem-Wiederholungen oder extremen GC-Regionen. Es können sowohl Standardprimer als auch Kundenprimer eingesetzt werden. Eine automatische Neusequenzierung bei erfolgloser Sequenzierung ist kostenfrei. Die Ergebnisse (.ab1 und .seq Dateien) liegen in der Regel taggleich, spätestens am folgenden Arbeitstag nach Probeneingang vor.

- **Vorbereitung** siehe (SEQ- Quickview)

### 5. SEQ-Primer Walking (S008)

Für höchste Genauigkeit in der Sequenzierung von langen DNA-Abschnitten. Mehrere Primer werden schrittweise verwendet, um lange DNA-Segmente/Plasmide einer unbekannt Sequenz zu sequenzieren, die von einer bekannten Sequenz flankiert werden. Der Service beinhaltet Design und Synthese aller Primer, Auswertung sowie Assemblierung aller erhaltenen Sequenzen zu einem Consensus. Auf Wunsch wird auch eine Assemblierung gegen eine Referenzsequenz durchgeführt. Die Ergebnisse hängen von der Länge des Templates ab. **Details auf Anfrage**

## 6. SEQ-Premix (S014)

Ihre DNA-Proben liegen bereits als Probe-Primer-Mix vor. Es können sowohl 96well-Platten als auch 8er-strips eingeschickt werden. Wichtig: Bitte verwenden Sie zum Verschließen der Platten bzw. Strips nur Deckel-strips keine Folien. Sie erhalten die automatisch prozessierten Sequenzdaten (.ab1 und .seq Dateien) in der Regel taggleich, spätestens am folgenden Arbeitstag nach Probeneingang vor.

- **Vorbereitung**
  - in Wasser eluiert / gelöst, keinesfalls in TE
  - Proben & Primer vorgemischt mit Deckel, keine Folie oder Parafilm

Template			Primer		Pre-Mixed
Proben Art	Konzentration	Volumen	Konzentration	Volumen	Gesamtvolumen (DNA+Primer)
PCR-Fragment gereinigt	5ng/100bp/µl	5µl	5 pmol/µl	5µl	10µl
Plasmid	100-200ng/µl	5µl	5 pmol/µl	5µl	10µl

## 7. SEQ-cDNA (S021)

Komplementäre DNA (cDNA) ist das reverse Transkript der mRNA. Direkte Sequenzierung der cDNA ist nur in Forward Richtung machbar. Sie erhalten die automatisch prozessierten Sequenzdaten (.ab1 und .seq Dateien) in der Regel taggleich, spätestens am folgenden Arbeitstag nach Probeneingang vor. Die erforderliche cDNA-Konzentration sowie die pro Read benötigte cDNA-Menge sind in der folgenden Tabelle angegeben.

Template			Primer	
Proben Art	Konzentration	Volumen pro (1-5) Run	Konzentration	Volumen pro (1-5) Run
cDNA	125-250 ng/µl	20µl	5 pmol/µl	10µl

## 8. RCA & SEQ-RCA Produkt (S016, S082)

Probleme mit extrem niedrigen Probenkonzentrationen oder einem begrenzten Volumen? Kein Problem! Die Rolling-Circle-Amplifikation (RCA) ist daher eine Technik, die eine Lösung für die Amplifikation von Mikrogramm Template aus Pikogramm Ausgangsmaterial mit hoher Genauigkeit bietet. Darüber hinaus ermöglicht diese Methode auch die direkte Sequenzierung von Bakterienkolonien, ohne dass eine Plasmidpräparation erforderlich ist. Eine automatische Neusequenzierung bei erfolgloser Sequenzierung ist kostenfrei. Die Ergebnisse (.ab1 und .seq Dateien) liegen in der Regel 1-2 Tage nach Probeneingang vor.

- **Vorbereitung**
  - Einzelne Kolonie, aufgelöst in 10 µl nucleasefreiem Wasser, in je 0,2 ml PCR-Gefäß.
  - Die gewünschte Plasmidkonzentration ist >0,01 µg/µL

## 9. L-RCA Produkt (S025)

Die sequenzielle Strategie der ligaseabhängigen Zirkularisierung des Amplikons / der linearisierten pDNA, gefolgt von einer isothermischen Rolling-Circle-Amplifikation, ermöglicht die Sequenzierung von der 5'-Region in die 3'-Region und umgekehrt unter Verwendung von Reverse- oder Forward-Primern. Eine automatische Neusequenzierung bei erfolgloser Sequenzierung ist kostenfrei. Die Ergebnisse (.ab1 und .seq Dateien) liegen in der Regel 2-3 Tage nach Probeneingang vor.

- **Vorbereitung**
  - Die gewünschte Konzentration liegt zwischen 0,25-1,00 µg/µl

## Versand

- Ungekühlt im wattierten Umschlag
- Auftragsformular bitte per e-mail senden an: [DNAseq@4base-lab.com](mailto:DNAseq@4base-lab.com)