

COVID-19 Multiplex PCR Variant Full permite la detección de mutaciones en el gen S asociadas a linajes de interés y linajes de preocupación del virus SARS-CoV-2 a partir de muestras respiratorias diagnosticadas como positivas para la presencia del virus.

La combinación de las mutaciones permite diferenciar 4 de las variantes de interés clínico y epidemiológico reportadas para el virus SARS-CoV-2: B.1.1.7 o Alfa (Reino Unido), B.1.351 o Beta (Sudáfrica), P.1 o Gamma (Japón/Brasil) y B.1.617.2 o Delta/Delta Plus (India).

MULTIPLEX

FORMATO ABIERTO

COMPATIBLE CON TODO TIPO DE TERMOCICLADORES

DETECTA 7 MUTACIONES EN EL GEN S: E484K, H69_V70, K417N, L452R, N501Y, P681R Y K417wt

CONTROL INTERNO DE PRESENCIA Y CALIDAD DEL ARN CON DIANA EN EL GEN N.

ESPECIFICIDAD 100%

INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS

La clasificación de las muestras se hará en función de la combinación de curvas obtenidas:

Muestra	E484K	N	K417N	H69_V70	P681R	K417wt	N501Y	L452R
WT (Wuhan)	-	+	-	-	-	+	-	-
B.1.1.7/alfa (RU)	-	+	-	+	-	+	+	-
B.1.351/beta (SA)	+	+	+	-	-	-	+	-
P.1/gamma (Jap/Bra)	+	+	-	-	-	-	+	-
B.1.617.2/delta (India)	-	+	-	-	+	+	-	+

Además, **COVID-19 Multiplex PCR Variant Full** permite la asociación de la muestra a otros linajes reportados para SARS-CoV-2, tales como :

Muestra	E484K	N	K417N	H69_V70	P681R	K417wt	N501Y	L452R
WT (Wuhan)	-	+	-	-	-	+	-	-
B.1.1.7/alfa (RU)	-	+	-	+	-	+	+	-
B.1.1.7+E484K	+	+	-	+	-	+	+	-
B.1.351/beta (SA)	+	+	+	-	-	-	+	-
P.1/gamma (Jap/Bra)	+	+	-	-	-	-	+	-
B.1.617.2/delta (India)	-	+	-	-	+	+	-	+
B.1.617	-	+	-	-	+	+	-	+
P.2/B.1.526	+	+	-	-	-	+	-	-
B.1.427/29/B.1.526.1	-	+	-	-	-	+	-	+
B.1.525/B.1.620	+	+	-	+	-	+	-	-
A.23.1	-	+	-	-	+	+	-	-
A.23.1+E484K	+	+	-	-	+	+	-	-
B.1.621/P3	+	+	-	-	-	+	+	-