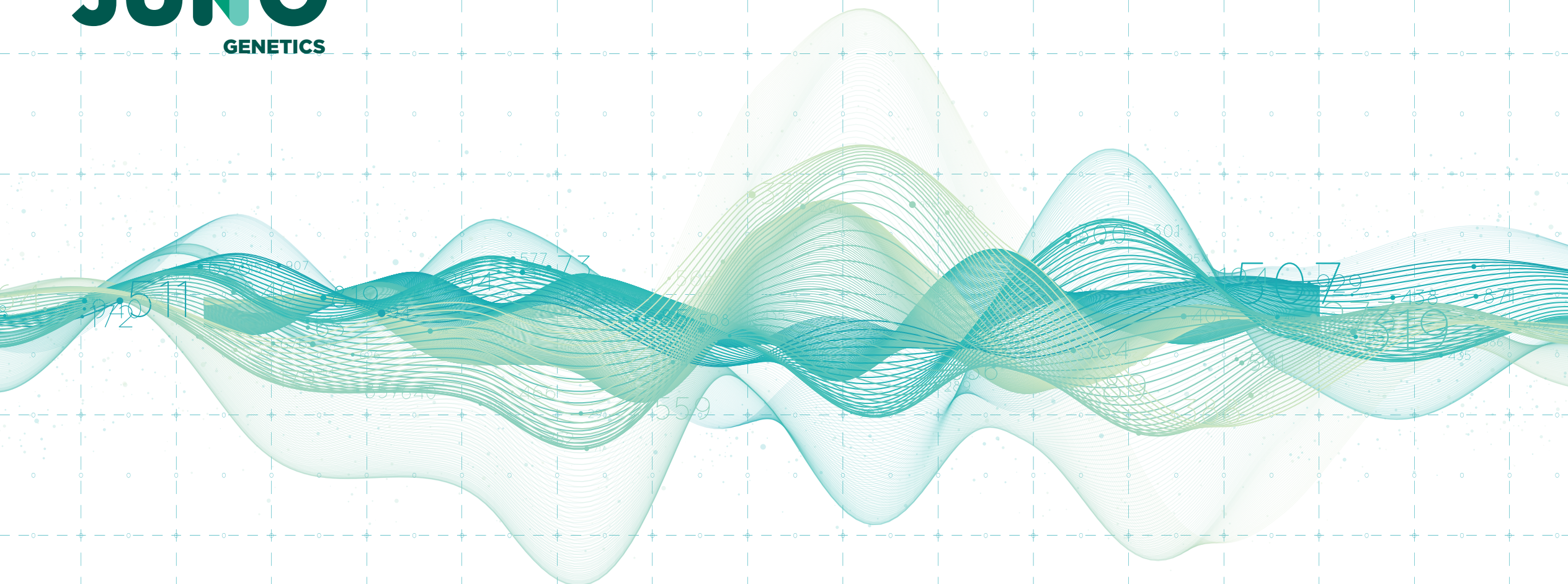




PGT Seq

AUMENTA EL NÚMERO DE
EMBRIONES EUPLOIDES
INFORMADOS, ASÍ COMO
LAS TASAS DE EMBARAZO
DE LAS PACIENTES.

1 NGS

Juno utiliza la secuenciación de última generación para medir la cantidad de ADN en miles de sitios en cada cromosoma.

Esto permite calcular el número de copias del cromosoma con gran precisión.

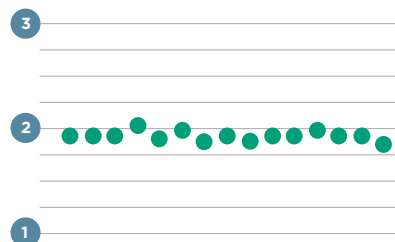
2 SNPs

Juno estudia miles de lugares donde la secuencia de ADN puede diferir entre los cromosomas individuales.

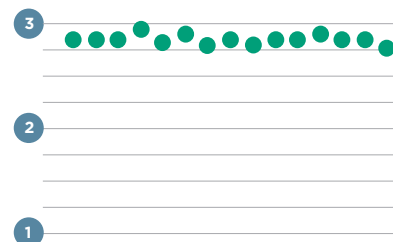
Cada uno de estos sitios de variación puede ser del tipo "A" o del tipo "B".

La normal, la trisomía y la monosomía tienen cada una patrones característicos de A y B.

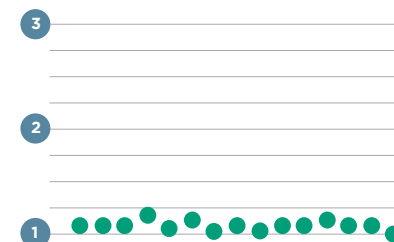
Juntos, la medición de la cantidad de ADN y el análisis de la secuencia de ADN aumenta enormemente la precisión del PGT-A



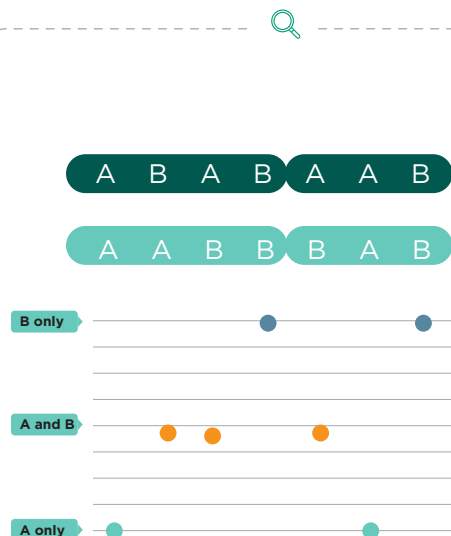
EMBRIÓN NORMAL



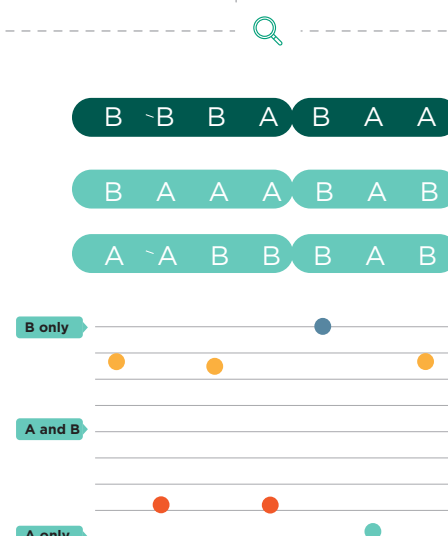
TRISOMÍA



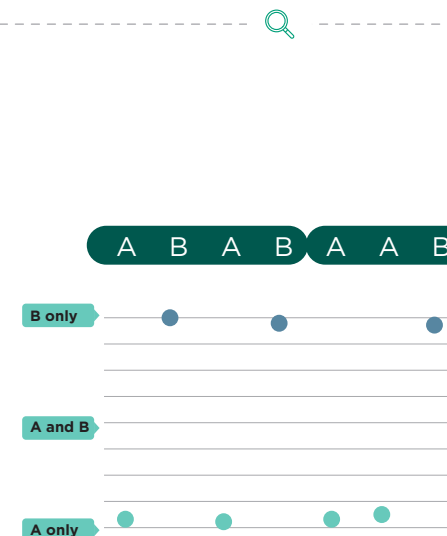
MONOSOMÍA



Algunos sitios sólo tienen A o B, pero otros tienen A y B por igual



Ningún sitio tiene A y B por igual, pero algunos son AAB o BBA



Todos los sitios tienen A o B, pero nunca ambos tipos