



## Hibridação Comparativa do Genoma em arrays (aCGH)

aCGH é uma citogenética molecular que analisa as ampliações e deleções específicas do genoma.

A técnica molecular **aCGH** (*array Comparative Genomic Hybridization*) permite análise genômica nas mudanças na estrutura e no número de cópias com alta resolução detectando ganhos e perdas de material genético em regiões específicas do genoma, oferecendo vantagens sobre as técnicas tradicionais. As variações do número de cópias de genes podem ocorrer em um espectro variado de doenças, bem como em neoplasias, e são indicativas de alterações em oncogenes e genes supressores de tumor. Assim, a detecção e mapeamento de alterações do número de cópias de certas regiões do genoma oferecem uma importante contribuição para a associação entre defeitos moleculares e o fenótipo estudado. Esta técnica tem sido capaz de revelar alterações cromossômicas não identificadas por análise citogenética tradicional, pois o limite de resolução do aCGH é alto, da ordem de 1Mb.

Como não há necessidade de cultura de células, torna-se mais rápido e em menos de dois dias obtém-se o resultado. O DNA de interesse e o DNA de referência são extraídos e comparados. É necessário apenas 1 µg de DNA de uma variedade de material como sangue, líquido amniótico, tumor sólido fresco ou congelado e em até material parafinado pode ser utilizado.

O Cromossomo Artificial de Bactéria ou BAC (*Bacterial Artificial Chromosome*) é um vetor de alta capacidade que contém segmentos de cerca de 200kb de DNA. Os clones de BACs foram mapeados, selecionados e imobilizados em lâmina e usados como a fase sólida para hibridização.

Produtos e equipamentos:

**ConstitutionalChip™ 4.0** contém 5200 clones de BAC representando todo o genoma humano com alta resolução, incluindo as regiões subteloméricas, pericentroméricas e ampla cobertura do cromossomo X. Ideal para estudar alterações genéticas congênitas, identificar mudanças genéticas adquiridas, fazer acompanhamento e prognóstico de cânceres, identificar potenciais regiões nos cromossomos para ação de drogas e de novos tratamentos

**ConstitutionalChip™ 3.0** ~600 clones de BAC - identifica 41 doenças genéticas e 41 regiões subteloméricas analisadas simultaneamente.

**SpectralChip™ 2600** clones de BAC representando todo o genoma humano com 1 Mb de alta resolução.

**ScanArray® Gx PLUS** – scanner a laser para captura da imagem

**Spectralware™** - software de análise