



Análisis de Genomas Completos

Ensamblaje genómico completo o parcial (10-120 contigs) de microorganismos aislados. El servicio incluye: secuenciación (Hiseq 2500 2x125 *paired end*), ensamblaje y anotación. Adicionalmente puede cumplimentarse con diferentes análisis de genómica comparativa: identificación de ortólogos, alineamiento genómico, contextualización filogenética, análisis de multilocus (MLSA), caracterización del pangenoma, genoma accesorio o genes de interés (patogenicidad, resistencia, virulencia). Junto con los archivos de secuenciación, se entregará el genoma ensamblado y anotado junto con un informe técnico completo a fin de proporcionar una descripción precisa de los mismos.

DIRIGIDO A

Agricultura y ganadería. Caracterización de pre y probióticos (determinación de cepas microbianas: bacterianas y fúngicas), Secuenciación de patógenos (microorganismos y virus) aislados, Secuenciación de bacterias aisladas para la mejora de biofertilizantes, Caracterización genómica de patógenos potenciales en cultivos.

Salud: Clínicas, hospitales y farma. Monitorización y control de salas blancas, Caracterización de virus y microorganismos nosocomiales, Monitorización funcional de dietas, Caracterización de resistomas.

Industria de bienes de consumo. Secuenciación de fermentos o *starters* mejorados, Caracterización de *starters*, Protección de *starters* y patentes, Detección de biomarcadores y funciones enzimáticas, Control de calidad en aguas.

Centros de investigación. Caracterización genómica, Estudios genómicos comparativos en bacterias de relevancia ecológica/patógenas, Caracterización de genomas de cepas durante episodios epidémicos, Detección de biomarcadores y funciones enzimáticas.

NUESTRO COMPROMISO

Asesoramiento durante el diseño experimental

Genomas secuenciados completamente y *drafts* de alta calidad

Anotación en múltiples categorías

Informe detallado personalizado y rápida entrega de resultados

CARACTERÍSTICAS TÉCNICAS DEL SERVICIO

El servicio 360º de Microomics está dirigido a proporcionar un soporte integral y personalizado en las diferentes etapas de tu proyecto de NGS. El servicio incluye dos informes intermedios y un informe final.

Extracción y cuantificación de ADN. Se adaptará el protocolo de extracción de ADN que mejor se ajuste al tipo de muestra.

Preparación de librerías y ultrasecuenciación de ADN. Se realizará la ultrasecuenciación de las muestras mediante la tecnología Illumina HiSeq 2500-3000 obteniendo secuencias *paired ends* (125x2 pb). En todos los casos se secuenciarán coberturas superiores a 100x.

Análisis bioinformático. Se procederá al filtrado y recortado de secuencias para garantizar la calidad de las secuencias a ensamblar. El ensamblado se realizará mediante diferentes softwares a fin de garantizar el mejor resultado. Se procederá a la anotación de los genomas aislados en diferentes categorías funcionales: COG, KEGG, GO.

Informe genomas aislados. El informe final incluirá un resumen de las métricas de ensamblaje y características genómicas describiendo los resultados obtenidos.

ENVÍANOS TUS MUESTRAS

Para informarte sobre las condiciones de envío de tus muestras ponte en contacto con nosotros a través de la siguiente dirección de correo electrónico services@microomics.eu o si lo prefieres llámanos al teléfono (+34) 933 16 02 94.