



Metagenómica Shotgun

Secuencia el DNA total de una comunidad microbiana compuesta por bacterias, hongos, virus o una combinación de ellos. El servicio incluye secuenciación Illumina Hiseq 2500 125x2 *paired end*, ensamblaje y anotación funcional. Adicionalmente puede incluir análisis metagenómicos comparativos como la identificación de ortólogos, mapeo genómico o reclutamiento, afiliación taxonómica y contextualización filogenética, abundancia relativa de grupos filogenéticos mayoritarios o estudio de genes con interés funcional especial o potencial (patogenicidad, resistencia, virulencia, biorremediación e identificación de genes de plásmidos).

DIRIGIDO A

Agricultura y ganadería. Efecto funcional de pre y probióticos en animales. Desarrollo de fertilizantes de nueva generación. Caracterización funcional de la fertilidad del suelo. Detección de potenciales patógenos activos en diversos cultivos vegetales.

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

Industria de bienes de consumo. Monitorización de la actividad funcional bacteriana en productos biofermentados. Detección de biomarcadores y funciones enzimáticas. Control de calidad y actividad funcional en aguas. Detección de cepas de interés.

Centros de investigación. Estudios funcionales de enfermedades humanas: obesidad, diabetes, Crohn, celiaquía entre otras. Perfiles de actividades funcionales en estudios ambientales: océanos, suelos, aguas continentales. Ensayos funcionales con pre y probióticos.

NUESTRO COMPROMISO

Asesoramiento durante el diseño experimental

Alta cobertura y calidad para tus secuencias

Anotación e interpretación funcional con softwares y pipelines dedicados

Informe 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 utilizará la tecnología Illumina HiSeq 2500 obteniendo secuencias *paired ends* (125x2 pb).

Análisis bioinformático. Se utilizarán *softwares* y *pipelines* específicos para evaluar la calidad de las secuencias, posteriormente se realizará el ensamblaje y anotación funcional según el tipo de muestra. 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 *shotgun*. Se proporcionará un informe completo que incluirá un resumen de las métricas de ensamblaje y características genómicas describiendo los resultados obtenidos, perfiles de anotación de los genes y abundancias en diferentes categorías funcionales. Además contendrá la identificación de otras especies mayoritarias y minoritarias (afiliación de secuencias de 16S rRNA/ITS o virus). Junto al informe se anexarán Archivos fastq originales de Illumina para cada uno de los genomas y los archivos de anotación funcional en formato estándar.

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.