

GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA

Brindamos diferentes servicios que van desde la secuenciación de genomas vegetales, bacterianos y virales, el procesamiento de miles de muestras ambientales metagenómicas, hasta el abordaje de estudios transcriptómicos y proyectos asociados a la secuenciación del genoma humano.

METAGENÓMICA 16S

La Metagenómica es el estudio del ADN recuperado directamente de muestras ambientales, normalmente compuestos por múltiples genomas. Dentro de estos estudios, la secuenciación específica del gen que codifica el ARN Ribosomal 16S, permite la obtención de un perfil de la diversidad natural de las muestras. Este gen presenta una longitud aproximada de 1.500 pb, y contiene nueve regiones variables (V1-V9) intercaladas entre regiones conservadas. Estas regiones variables son comúnmente utilizadas para clasificar filogenéticamente a los organismos.

En INDEAR ofrecemos la secuenciación de las regiones V3-V4, permitiendo identificar las proporciones poblacionales dentro de cada muestra (alpha-diversidad) y en comparación con otras muestras (beta-variation)



Equipo: MiSeq

Configuración de corrida: PE 2 x 300 pb
Máximo multiplexado: 180 muestras

Primers utilizados:

16S Amplicon PCR Forward Primer =
5' TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGA
CAGCCTACGGGNGGCWGCAG 3'

16S Amplicon PCR Reverse Primer =
5' GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAG
ACAGGACTACHVGGGTATCTAATCC 3'

Análisis bioinformático - 16S

Control de calidad (Quality control)
Unión de pair ends (Stitch pair ends)
Filtrado de reads por calidad (Filter stitched reads by score)
Remoción de quimeras (Chimeras filter)
Elección de OTU's (Pick OTU's)
Limpieza de OTU's (Remove low confidence OTU's)
Rarefacción (Rarefaction)
Alfa diversidad (Alpha diversity)
Beta Diversidad (Beta diversity)

TRANSCRIPTÓMICA DE ALTO RENDIMIENTO - RNA-SEQ

La secuenciación del RNA es una técnica revolucionaria, precisa y sensible, utilizada para el estudio del transcriptoma de diversos organismos biológicos. Provee una visualización temporal del transcriptoma, permitiendo comparar diversos estados del mismo. RNA-Seq permite detectar características nuevas y conocidas en un solo ensayo, permitiendo la detección de isoformas de transcritos, fusiones génicas, SNVs, expresión alelo específica, e inclusive la hebra codificante del transcritos (RNA-seq stranded).

En INDEAR ofrecemos la potencia de nuestro NextSeq 500 para cubrir las condiciones experimentales que usted necesita.



Equipo: NextSeq 500

Configuración de corrida: 2 x 75 pb

Análisis bioinformático - Expresión diferencial

- Control de calidad (Quality control)
- Alineamiento a la referencia con Tophat (Tophat alignment)
- Ensamblado con Cufflinks (Cufflinks assembly)
- Análisis de expresión diferencial (Differential expression)

Análisis bioinformático - Transcriptoma de novo

- Control de calidad (Quality control)
- Ensamblado *de novo* (De novo assemblies)
- Estimación de abundancias (Estimate abundances)
- Análisis de expresión diferencial (Differential expression)
- Anotación del transcriptoma (Transcriptome annotation)

Análisis bioinformático - Transcriptoma con referencia

- Control de calidad (Quality control)
- Alineamiento a la referencia con Tophat (Tophat alignment)
- Ensamblado con Cufflinks (Cufflinks assembly)
- Análisis de expresión diferencial (Differential expression)

GENOTIPADO DE ALTA RESOLUCIÓN (GENOTYPING BY SEQUENCING)

El proceso de genotipado permite identificar las diferencias a nivel genético de distintos individuos. La aplicación de las tecnologías de NGS a este estudio, permite identificar una enorme cantidad de variantes aprovechando la potencia de las mismas.

INDEAR ofrece un método de screening para el descubrimiento de marcadores SNPs de diversos organismos. Esta técnica se basa en una reducción genómica mediante una digestión con enzimas de restricción, y la secuenciación de las muestras provenientes de una población en estudio. Nuestra plataforma ha aplicado esta tecnología a diversas especies como *Oryza sativa*, *Zea mays* y *Glycine Max* utilizando la enzima ApeKI. Este sistema se ofrece por defecto, por lo que la digestión del genoma de otras especies debe ser evaluada por el usuario.

Ventajas del genotipado de alta eficiencia:

Determinación de SNPs informativos de la población en estudio

Bajo costo

Reduce el sesgo de comprobación en comparación con arrays

Identificación de otras variantes además de SNPs (indels y microsatélites)

No requiere genoma de referencia

Análisis bioinformático

Control de calidad (Quality control)

Recorte y limpieza (Quality trimming)

Detección de SNPs informativos

(Stacks)



Equipo: NextSeq 500

Configuración de corrida: 1 x 75 bp



SECUENCIACIÓN DE GENOMAS PEQUEÑOS (WGS)

Los genomas pequeños (< 5 Mb) de bacterias, virus y otros organismos, se pueden secuenciar por técnicas de NGS a partir del aislamiento del ADN genómico. Esto permite la identificación de la especie, la anotación de genes, la detección de variantes de baja frecuencia, e incluso la detección de rearrreglos genómicos. INDEAR ofrece esta aplicación basada en la tecnología Nextera® de Illumina® para una masa inicial de ADN de 1 ng.



Análisis bioinformático - WGS genomas

- Control de calidad (Quality control)
- Recorte y limpieza (Quality trimming)
- Ensamblado *de novo* (*De novo* assemblies)
- Predicción rRNA (rRNA prediction)
- Anotación con RAST (RAST annotation)
- Entrega de resultados (webservices)

Equipo: MiSeq

Configuración de corrida: 2 x 300 pb

