



Servicio de análisis del perfil taxonómico y diversidad de hongos y algunos organismos unicelulares presentes en todo tipo de muestras. Además, permite la identificación de diferentes géneros de animales y plantas.

El **18S rRNA** es un gen exclusivo de organismos **eucariotas** que presenta una secuencia altamente conservada, pero con algunas regiones hipervariables con secuencias prácticamente **únicas** para cada **grupo filogenético**.

La secuenciación selectiva de estas regiones hipervariables del ADN extraído de la muestra permite analizar diversidad y taxonomía presente en la muestra. La identificación de los eucariotas se realiza comparando las secuencias obtenidas con bases de datos de referencia.



Consultoría y Diseño del Estudio

Asesoramiento científico-técnico personalizado por parte de nuestros expertos en metagenómica para:



Diseño experimental



Recogida de muestras



Seguimiento del proyecto



Reunión de entrega de resultados

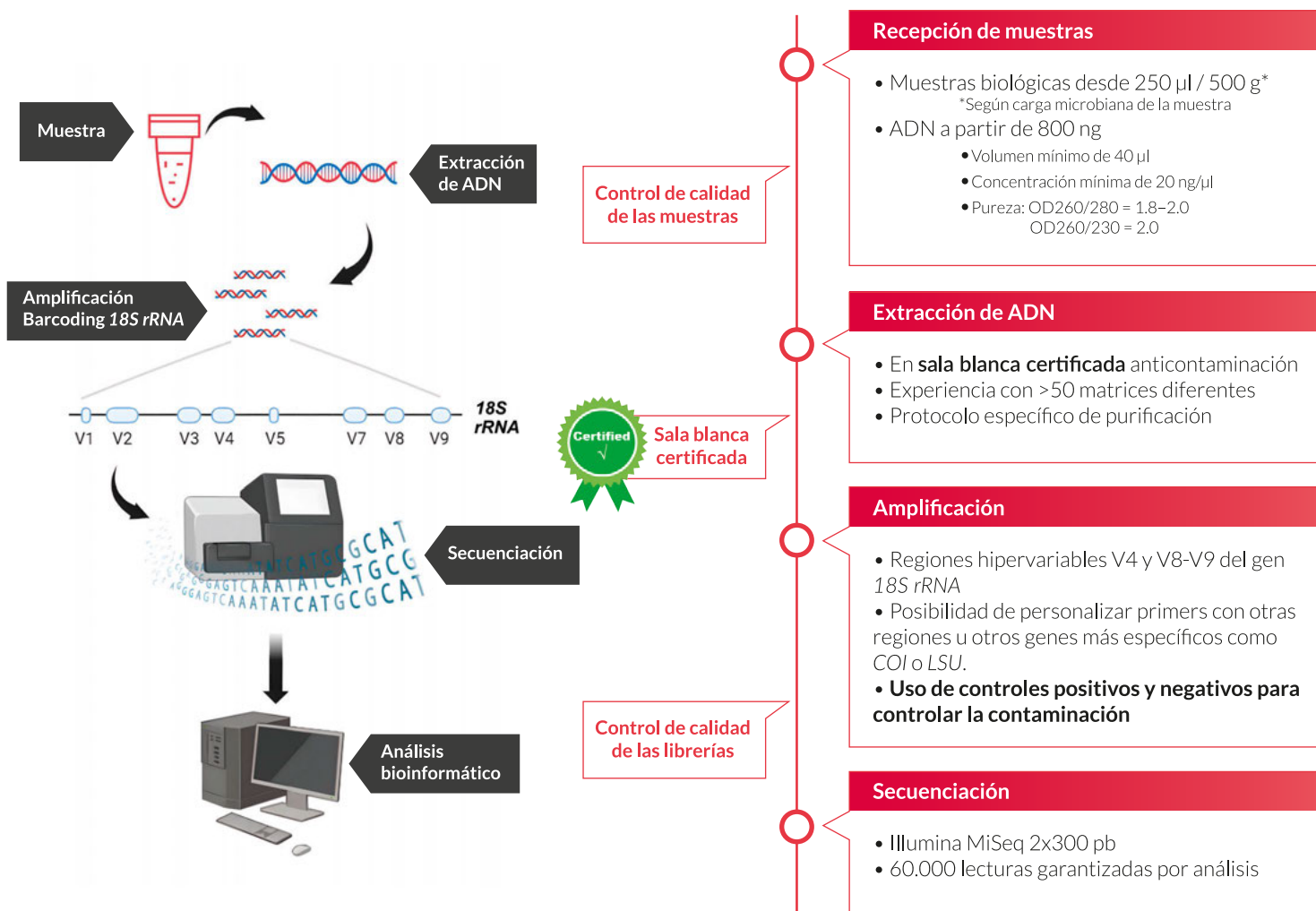


Redacción o revisión de publicaciones



Laboratorio de Biología Molecular

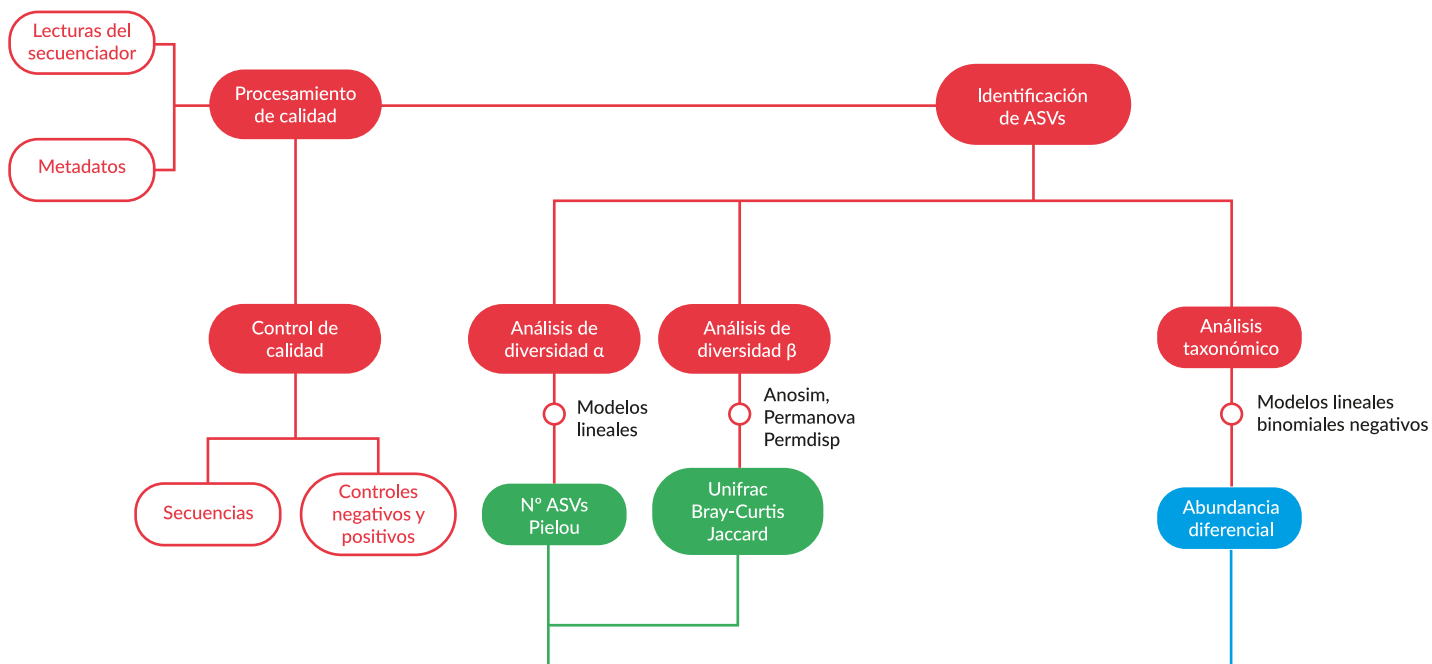
Un equipo altamente cualificado con amplia experiencia en metagenómica llevará a cabo:





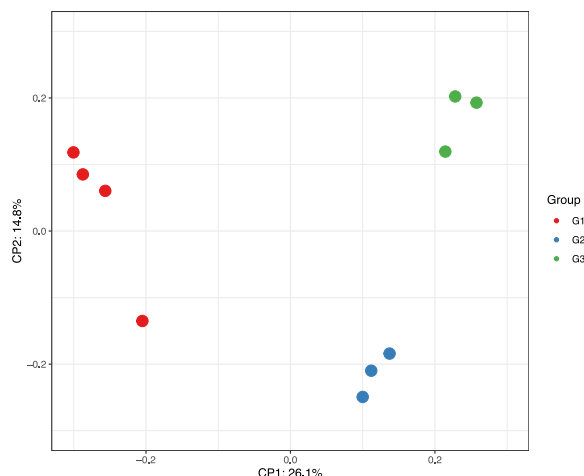
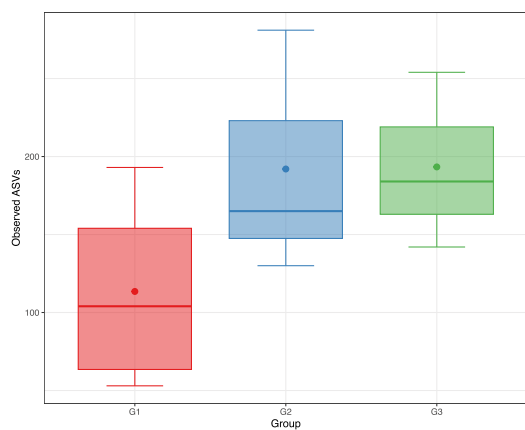
Análisis Bioinformático y Estadístico

Nuestro departamento bioinformático cuenta con **pipelines diseñadas para personalizar cada análisis** según las necesidades del estudio, abordando:



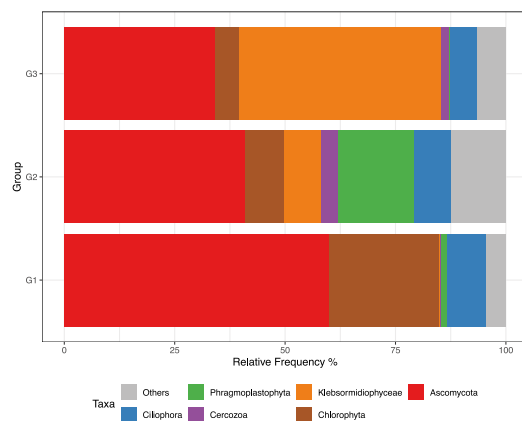
Análisis de diversidad

Estudio de la diversidad ecológica eucariota presente en cada muestra (α) y entre muestras (β).



Asignación taxonómica

Identificación de los eucariotas presentes en las muestras con una **alta resolución taxonómica** hasta nivel de **género**. Aproximación ajustada para algunas especies.



Estudios de asociación o correlación con variables cualitativas o cuantitativas.



Suplementos



Análisis bioinformáticos personalizados: servicio de consultoría de análisis bioinformáticos. **Incluidas 2h de análisis post-entrega en cualquier estudio completo.**



Servicio Express: posibilidad de reducir los tiempos del análisis completo.