



Servicio de análisis del perfil taxonómico, funcional y diversidad de las bacterias, arqueas, hongos y/o virus presentes en todo tipo de muestras.

El *shotgun sequencing* es una metodología de secuenciación de ADN mediante la cual se pueden obtener lecturas de prácticamente **todos los fragmentos génicos** presentes en una muestra. El análisis de estos fragmentos nos permite identificar las especies presentes en la muestra, además de estudiar su diversidad. Al disponer de todo el ADN de la muestra, podemos anotar los genes presentes y realizar un análisis de enriquecimiento para comprobar si hay ciertas vías metabólicas y si están más presentes en una condición de estudio.



## 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

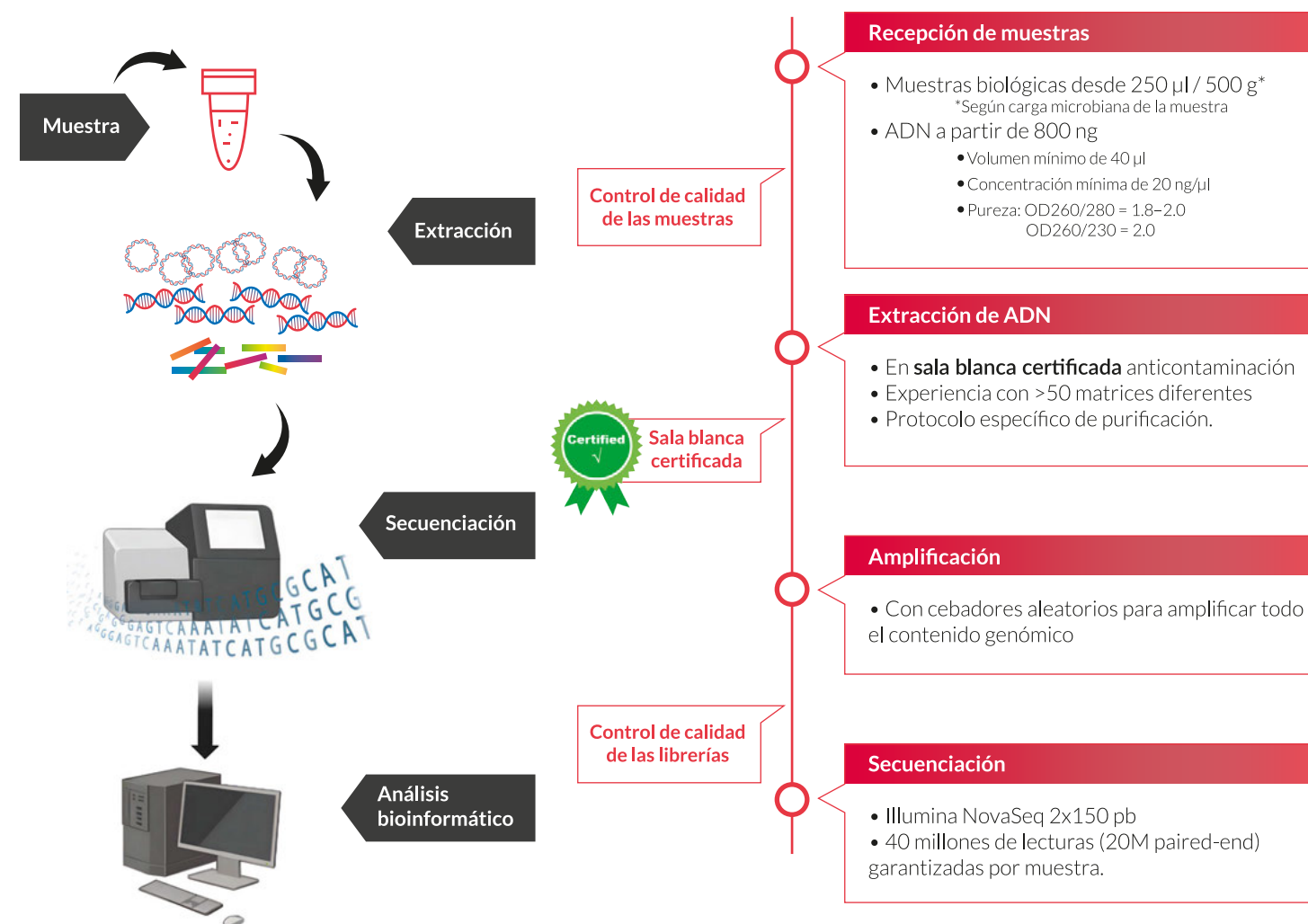


Redacción o revisión de publicaciones



## Laboratorio de Biología Molecular

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



## Suplementos

1

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

2

**Fracciones del microbioma extra:** análisis simultáneo de varias fracciones del microbioma (eucariotas, virus) en un único pipeline bioinformático.

3

**Estudio del fagoma:** detallado análisis de los bacteriófagos presentes en una muestra y anotación de las relaciones virus – huésped bacteriano.

4

**Genomas ensamblados a partir del metagenoma (MAGs):** recuperación de parte de los genomas de los microorganismos para aumentar la resolución taxonómica (alcanzar nivel de **especie** o **secuenciotipo**) y/o anotar los genes de cada uno (**análisis funcional**).

5

**Anotación genética específica:** identificación de genes de grupos funcionales específicos como de resistencia, patogenicidad, virulencia o proteínas circulantes entre otros.

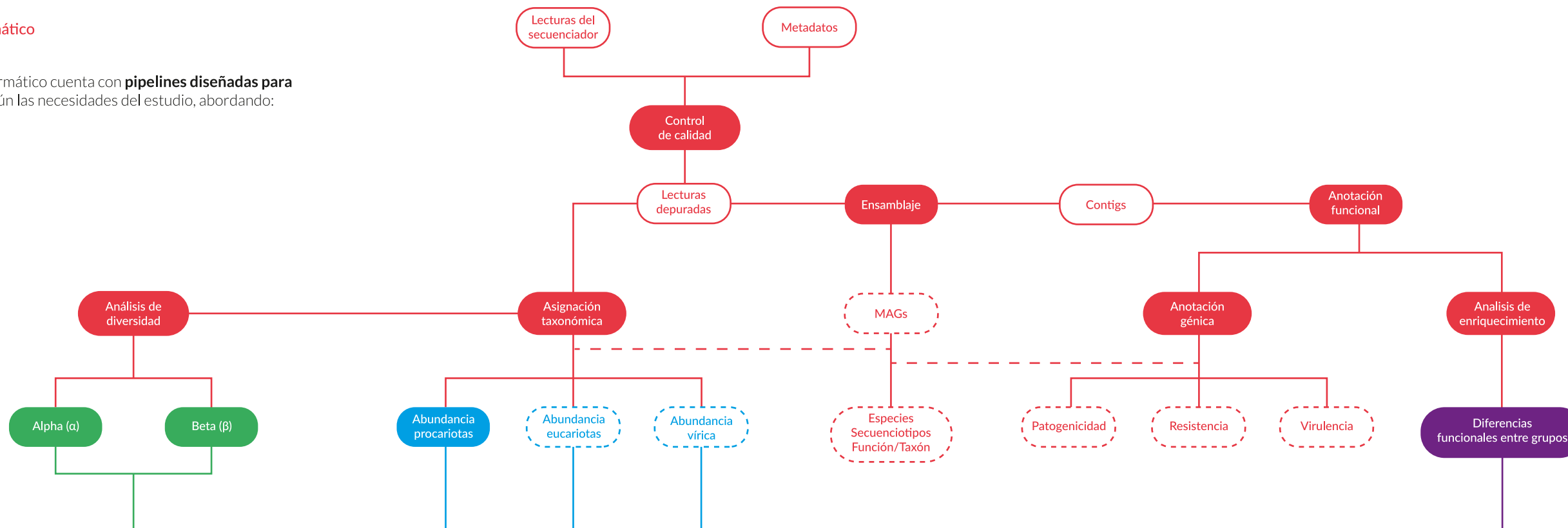
6

**Detección de patrones taxonómicos:** análisis de copresencia, coausencia o eventos de presencia/ausencia de taxones bacterianos mediante algoritmos Dirichlet de agrupación para la búsqueda de biomarcadores.



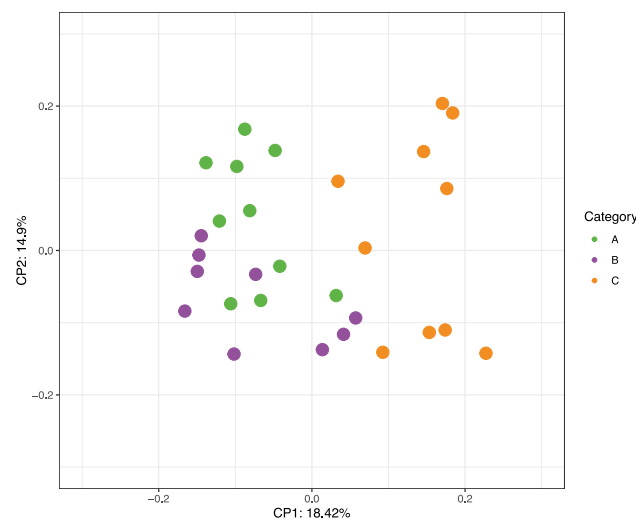
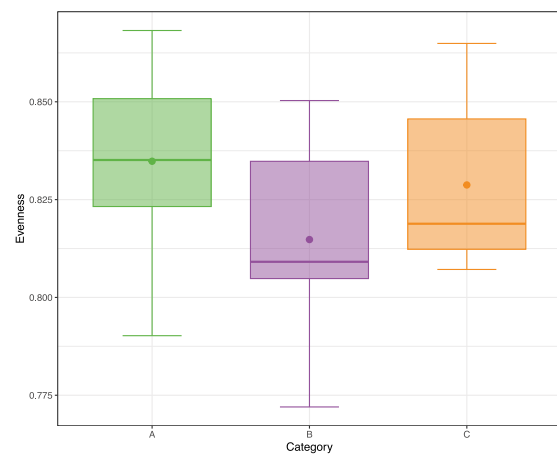
## Análisis Bioinformático

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



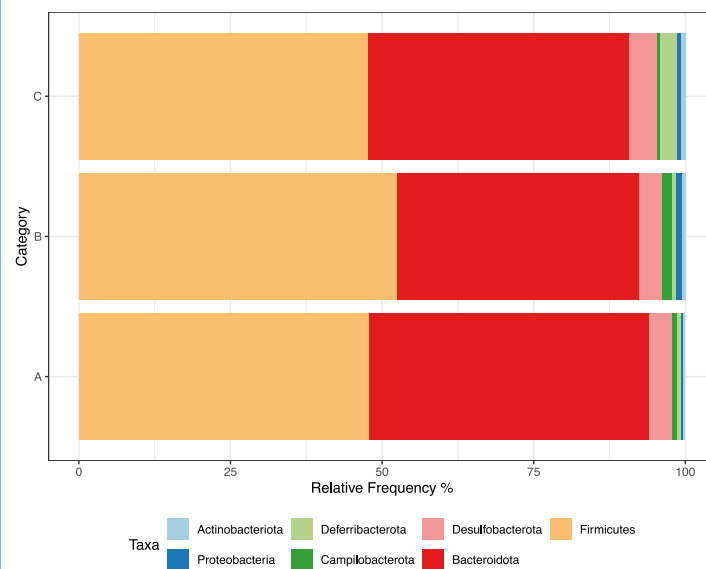
### Análisis de diversidad

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



### Asignación taxonómica

Identificación de una de las fracciones del microbioma (bacterioma, fungoma, eucarioma o viroma) presentes en las muestras con resolución a nivel de especie.



Estudios de asociación o correlación con variables cualitativas o cuantitativas.

### Análisis de enriquecimiento funcional

Estudio diferencial de presencia de genes o grupos funcionales entre los grupos de estudio.

