Phylo Match

FICHA TÉCNICA

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE BACTERIA EN BASE AL GEN RIBOSOMAL 16S

ENVÍO DE SECUENCIAS: Una vez completado el pedido enviar las secuencias correspondientes al correo phylomatch@gmail.com junto con el número de orden en el asunto.

FORMATOS ACEPTADOS: .fasta. .fastq, .ab1 (El servicio incluye ensamblaje de datos crudos).

TIEMPO DE ENTREGA: Dependiendo de la cantidad de cepas a identificar el plazo de envío de resultados es de hasta 30 días hábiles desde recibidas las secuencias.

CONSIDERACIONES: Secuencias de baja calidad pueden resultar en inviabilidad del análisis, motivo por el cual será contactado a la brevedad.

ENTREGABLES

1. Informe técnico detallado.
2. Uno o más árboles filogenéticos.
3. Base de datos actualizada
4. Figuras vectoriales (.svg) y en alta resolución (.png).
5. Taxonomía actualizada.
6. Tabla con accesiones GenBank (opcional).

El Informe técnico incorporará la metodología empleada, los resultados obtenidos y las referencias bibliográficas correspondientes. La taxonomía del género será actualizada al momento de realizar el servicio. En el caso de solicitar subir secuencias a GenBank, el informe incorporará una tabla con los números de acceso de GenBank.



DETALLES DEL SERVICIO

Identificación molecular de bacteria en base al gen ribosomal 16S: El gen ribosomal 16S es un excelente marcador molecular para conocer el género de un aislado bacteriano y en determinadas ocasiones, la especie del microorganismo. Es importante notar que, si bien este marcador permite una excelente aproximación, existen casos puntuales en donde su resolución es limitada debido a la alta conservación del gen entre especies cercanas. En escenarios donde el 16S no sea resolutivo por sí solo, la identificación mediante genoma completo siempre será la alternativa preferible.

Cuando la identidad no puede resolverse a nivel de especie, evaluamos la vecindad filogenética del aislado y contrastamos la topología obtenida con relaciones previamente resueltas mediante análisis de genomas completos. Esto permite establecer la identidad taxonómica más probable, ya sea a nivel de especie o complejo de especies, y orientar los análisis adicionales necesarios para alcanzar una mayor resolución cuando no es posible secuenciar el genoma completo.

Para obtener la secuencia del gen ribosomal 16S de su aislado bacteriano, se requiere la secuenciación del amplicón obtenido mediante PCR convencional, utilizando los siguientes partidores universales:

Loci	Partidor	Secuencia (5'→3')	Tamaño	Referencia
16S rRNA	27F	AGAGTTTGATCMTGGCTCAG	~1500 pb	Weisburg et al (1991)
	1492R	GGTTACCTTGTTACGACTT		

REFERENCIAS

Weisburg, W. G., Barns, S. M., Pelletier, D. A., & Lane, D. J. (1991). 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. Journal of bacteriology, 173(2), 697-703.