Phylo Match

FICHA TÉCNICA

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE *Nectria*

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 *Nectria* mediante análisis multilocus: Realizamos la asignación taxonómica de sus cepas de *Nectria* a través de filogeniamultilocus empleando los marcadores moleculares *act*, ITS, LSU, *rpb1*, *tef1-α* y *tub2*. Este enfoque permite una resolución robusta y precisa a nivel de especie, superando las limitaciones de los marcadores individuales.

Para obtener las secuencia de los marcadores moleculares de su aislado, se requiere la secuenciación de los amplicones obtenidos mediante PCR convencional, utilizando los siguientes partidores universales:

Loci	Partidor	Secuencia (5'→3')	Tamaño	Referencia
act	Tact1	TGGCACCACACCTTCTACAATGA	~620 pb	Samuels et al (2006)
	Tact2	TCTCCTTCTGCATACGGTCGGA		
ITS	ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	~550 pb	White et al (1990)
	ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC		
LSU	LR0R	ACCCGCTGAACTTAAGC	~860 pb	Rehner & Samuels (1994)
	LR5	ATCCTGAGGGAAACTTC		Vilgalys & Hester (1990)
rpb1	CRPB1A	CAYCCWGGYTTYATCAAGAA	~620 pb	Castlebury et al (2004)
	RPB1Cr	CCNGCDATNTCRTTRTCCATRTA		Hall (2003)
tef1-α	EF1-728F	CATCGAGAAGTTCGAGAAGG	~320 pb	Carbone & Kohn (1999)
	EF1-986R	TACTTGAAGGAACCCTTACC		
tub2	Bt2a	GGTAACCAAATCGGTGCTGCTTTG	~310 pb	Glass & Donaldson (1995)
	Bt2b	ACCCTCAGTGTAGTGACCCTTGGC		

REFERENCIAS

Carbone, I., & Kohn, L. M. (1999). A method for designing primer sets for speciation studies in filamentous ascomycetes. Mycologia, 91(3), 553-556.

Castlebury, L. A., Rossman, A. Y., Gi-Ho, S. U. N. G., Hyten, A. S., & Spatafora, J. W. (2004). Multigene phylogeny reveals new lineage for Stachybotrys chartarum, the indoor air fungus. Mycological research, 108(8), 864-872.

Glass, N. L., & Donaldson, G. C. (1995). Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. Applied and environmental microbiology, 61(4), 1323-1330.

Hall, B. (2003) Molecular Systematics using Gene Sequences encoding nuclear RNA Polymerase Subunits. http://faculty.washington.edu/benhall/

Rehner, S. A., & Samuels, G. J. (1994). Taxonomy and phylogeny of Gliocladium analysed from nuclear large subunit ribosomal DNA sequences. Mycological Research, 98(6), 625-634.

Samuels, G. J., Dodd, S. L., Lu, B. S., Petrini, O., Schroers, H. J., & Druzhinina, I. S. (2006). The Trichoderma koningii aggregate species. Studies in mycology, 56(1), 67-133.

Vilgalys, R., & Hester, M. (1990). Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several Cryptococcus species. Journal of bacteriology, 172(8),4238-4246.

White, T. J., Bruns, T., Lee, S. J. W. T., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. PCR protocols: a guide to methods and applications, 18(1), 315-322.