FICHA TÉCNICA

ORIENTACIÓN PARA LA IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE HONGOS EN BASE A ITS

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

El Informe técnico incorporará la aproximación taxonómica a nivel de género, el listado de marcadores moleculares necesarios para conseguir la identificación a nivel de especie y los partidores recomendados para amplificar cada marcador, incluidas sus secuencias, tamaño de amplicón esperado y referencias bibliográficas. Si decides continuar el proceso con nosotros, te enviaremos una cotización, en la que se descontará del precio final el monto pagado por este servicio inicial.



DETALLES DEL SERVICIO

Orientación para la identificación molecular de hongos en base a ITS: La región ITS es un excelente marcador molecular para conocer el género de un aislado fúngico; sin embargo, su poder resolutivo para determinar la identidad a nivel de especie es limitado. Por este motivo, la identificación molecular mediante análisis multilocus permite resolver la identidad de un hongo en la gran mayoría de los casos. No obstante, cada género requiere un conjunto particular de marcadores moleculares y partidores para lograr una identificación robusta a nivel de especie. A partir de la secuencia de ITS podemos determinar el género de tu aislado fúngico y orientarte sobre los marcadores moleculares necesarios para completar su identificación.

Para obtener la secuencia ITS de tu aislado fúngico, se requiere la secuenciación del amplicón obtenido mediante PCR convencional, utilizando los siguientes partidores universales:

Loci	Partidor	Secuencia (5'→3')	Tamaño	Referencia
ITS	ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	~550 pb	White et al (1990)
	ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC		

REFERENCIAS

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.