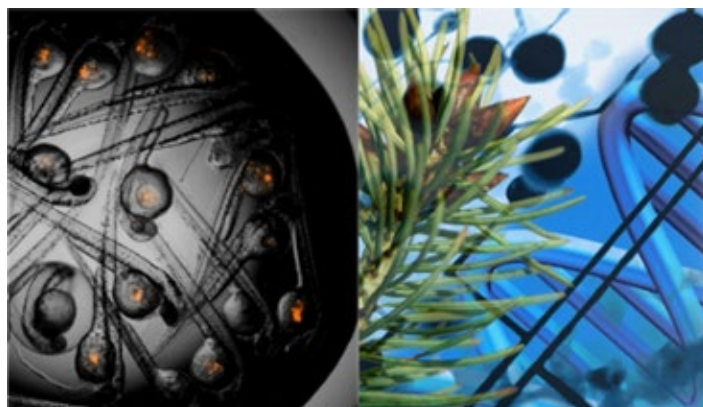


FICHAS DESCRITIVAS DOS SERVIZOS PRESTADOS POLA **PLATAFORMA DE SERVIZOS XENÉTICOS - XENÓMICOS**



Paso 1: Consulta os servizos que se ofrecen na plataforma. Se tes dúbidas, le a ficha descriptiva de cada servizo específico (os datos están dispoñibles na web ou na propia ficha). Se non atopas o que precisas, contacta directamente co persoal da plataforma.

Paso 2: Se precisas asesoramento no deseño do teu experimento, contacta por correo electrónico co/coa investigador/a responsable. Se xa sabes o que precisas, contacta co técnico responsable.

► **Plataforma de Servizos Xenéticos e Xenómicos**

Facultade de Veterinaria Pavillón 2 planta 0
Avda. Carballo Calero s/n, 27002 Lugo

Investigadores responsables

• Belén Gómez

belen.gomez@usc.es

Ext.- 22234 (externos 982822234)

• Paulino Martinez

paulino.martinez@usc.es

Ext.- 22425 (externos 982822425)

Técnico de investigación

• Lucía Insua

lucia.insua@usc.es

Ext.- 22228 (externos 982822228)

Responsable de xestión

• Mónica A. Otero

monicaafrica.otero@usc.es

Ext.- 22427 (externos 982822427)

Paso 3: As mostras deben entregarse na seguinte dirección:

**PLATAFORMA DE SERVIZOS XENÉTICOS, XENÓMICOS E PEIXE
CEBRA**

A/A *(persoa de contacto para o servizo solicitado)*
Facultade de Veterinaria de Lugo, PAVILLÓN 2, PLANTA 0
Avenida Carballo Calero s/n, CP 27002 Lugo
Teléfonos de contacto: 982822228 / 982822427

Asegúrate de enviar as mostras nas condicións requiridas (esta información será proporcionada polo persoal da Plataforma no momento de contratar o servizo).

ÍNDICE DO DOCUMENTO

FICHAS DA PLATAFORMA DE SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS

FICHA 1 EXTRACCIÓN E PURIFICACIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS	PÁG 1
FICHA 2 CUANTIFICACIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS	PÁG 2
FICHA 3 REACCIÓN EN CADEA POLIMERASA PCR	PÁG 4
FICHA 4 SECUENCIACIÓN SANGER SECUENCIADOR CAPILAR 3500XL	PÁG 6
FICHA 5 XENOTIPADO_XENOTIPADO CON MICROSATÉLITES	PÁG 8
FICHA 6 XENOTIPADO DE SNPS PLATAFORMA MASSARRAY	PÁG 10
FICHA 7 XENOTIPADO SNPS PLATAFORMA AXIOM.....	PÁG 12
FICHA 8 SECUENCIACIÓN MASIVA NGS_WHOLE GENOME SEQUENCING	PÁG 14
FICHA 9 SECUENCIACIÓN MASIVA NGS_SECUENCIACIÓN LIBRARÍAS ADN RADSEQ	PÁG 16
FICHA 10 SECUENCIACIÓN MASIVA NGS_SECUENCIACIÓN LIBRARÍAS ADN ATACSEQ	PÁG 18
FICHA 11 SECUENCIACIÓN MASIVA NGS_SECUENCIACIÓN LIBRARÍAS ADN CHIPSEQ.....	PÁG 20
FICHA 12 SECUENCIACIÓN MASIVA NGS_SECUENCIACIÓN LIBRARÍAS ADN METILOMA_.....	PÁG 22
FICHA 13 _SECUENCIACIÓN MASIVA NGS_SECUENCIACIÓN METAXENÓMICA SECUENCIACIÓN 16S RRNA BACTERIANO ITS FUNGOS_	PÁG 24
FICHA 14 SECUENCIACIÓN MASIVA NGS_SECUENCIACIÓN TRANSCRIPTOMA RNA-SEQ.....	PÁG 26
FICHA 15 SECUENCIACIÓN MASIVA NGS_SECUENCIACIÓN DE CÉLULAS INDIVIDUAIS _SINGLE CELL.....	PÁG 28
FICHA 16 DETERMINACIÓN XENÉTICA DO SEXO	PÁG 30
FICHA 17 ANÁLISIS DE DETECCIÓN DE TRIPLOIDÍA CON MICROSATÉLITES	PÁG 32
FICHA 18 _PCR CUANTITATIVA EN TEMPO REAL_Q-PCR_.....	PÁG 34
FICHA 19 CDNA SÍNTESIS.....	PÁG 36



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	EXTRACCIÓN E PURIFICACIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS
DESCRICIÓN	A extracción de ácidos nucleicos (ADN e ARN) é unha técnica fundamental en bioloxía molecular e biotecnoloxía, cunha ampla variedade de aplicacións científicas, clínicas e tecnolóxicas. Serve para illar e purificar o material xenético de células, tecidos ou outros tipos de mostras, permitindo o seu estudo e manipulación posterior para múltiples aplicacións como: amplificación por PCR de segmentos concretos do xenoma, secuenciación, xenotipado, diagnóstico molecular, estudo da regulación e expresión xenética, terapia xenética... O persoal técnico da plataforma conta con moita experiencia na extracción de ácidos en diferentes especies, tecidos e condicións.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	EXTRACCIÓN E PURIFICACIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS
TIPO DE ANÁLISE	CUANTIFICACIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS
DESCRICIÓN	En bioloxía molecular a cuantificación dos ácidos nucleicos realízase habitualmente para determinar as concentracións medias de ADN ou ARN presentes nunha mestura, así como a súa pureza. É un paso chave tras a extracción de ADN ou ARN para asegurar a calidade e cantidade do material xenético antes do seu uso en aplicacións posteriores. Isto permite determinar se a mostra é apta para PCR, secuenciación, análise de expresión xenética... Na plataforma cóntase con diferentes tecnoloxías para realizar estas medicións: -Electroforesis en xeles de agarosa para evaluar a integridade do ADN. -Espectrofotométrica baseada na medición da absorbancia de luz ultravioleta (UV) a 260 nm y 280 nm mediante espectrofotómetro NanoDrop ND-1000. -Fluorimetría na que se empregan fluoróforos que se unen especificamente ao ADN ou ARN e emiten fluorescencia en función da concentración mediante Qubit 2.0. -Información do tamaño, cuantitativa e cualitativa do ADN e ARN co Bioanализador Agilent 2100.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular

INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	REACCIÓN EN CADEA POLIMERASA
TIPO DE ANÁLISE	PCR singleplex PCR multiplex
DESCRICIÓN	A PCR é un dos avances científicos máis importantes no campo da Bioloxía Molecular, xa que reduciu radicalmente o tempo e o número de pasos necesarios para xerar grandes cantidades de ADN para o seu uso en diversas aplicacións. O seu maior impacto produciuse no ámbito do diagnóstico. A PCR non só mellorou a velocidade e a precisión dos diagnósticos, senón que tamén foi clave na identificación e diagnóstico de enfermidades causadas por bacterias, virus e fungos, moitos dos cales son difíciles ou imposibles de identificar por métodos convencionais. Ao deseñar un ensaio de PCR, é preciso ter en conta o deseño dos cebadores, as condicións da reacción e a selección das encimas. Ademais de configurar os parámetros do ensaio, tamén é fundamental determinar que tipo de ensaio se debe realizar. Por exemplo, dependendo da secuencia diana que se queira detectar, o ensaio PCR pode ser un ensaio singleplex ou multiplex. A continuación, defínese cada un destes tipos de ensaio: A PCR singleplex utilízase para detectar unha secuencia diana de ADN ou ARN. Este tipo de ensaio pode ser empregado para detectar un virus ou bacteria específicos ou para determinar se un individuo presenta un xene de interese. A PCR multiplex empregase para detectar dúas ou máis secuencias diana de ADN ou ARN ao mesmo tempo, empregando unha única preparación e amplificación da mostra. Neste caso, inclúense múltiples conxuntos de cebadores e sondas para permitir a detección de máis dianas ou analitos nun único ciclo.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular

INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO

PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	SECUENCIACIÓN SANGER en Secuenciador Capilar 3500XL (Applied Biosystems)
TIPOS DE ANÁLISE	SECUENCIACIÓN SANGER
DESCRICIÓN	A plataforma conta cun secuenciador automático de última xeración, o modelo 3500XL Genetic Analyzer de Applied Biosystems (Thermo Fisher Scientific). É un secuenciador automático de tipo electroforese capilar, amplamente empregado en laboratorios de bioloxía molecular para análises xenéticos de alta precisión como: secuenciación do ADN por Sanger, análises de fragmentos (microsatélites, mutacións,...), detección de polimorfismos (SNPs). Trátase dun secuenciador de alto rendemento de 24 capilares, cunha capacidade de lonxitude de lectura de 500 a 900 bases por mostra. Esta infraestrutura ten capacidade para o estudo de microsatélites en perfís xenéticos, polimorfismos de lonxitude variable, análise e validación de SNPs.... A secuenciación Sanger é un método clásico para determinar a secuencia exacta de nucleótidos en fragmentos de ADN a pequena escala. A pesar do auxe de tecnoloxías como a secuenciación masiva (NGS), segue sendo esencial debido a súa precisión, complementando estas técnicas avanzadas desenvolvidas para estudos a gran escala ou para analizar xenomas completos. Basease na síntese de novas cadeas de ADN a partir dun molde (produto de PCR ou produto clonado nun vector), utilizando unha mestura de nucleótidos normais (dNTPs) e nucleótidos terminadores de cadea modificados (ddNTPs) cada un marcado cun fluoróforo. Os ddNTPs carecen do grupo 3'-OH necesario para a elongación do ADN, o que provoca a terminación da síntese cando se incorporan. Os fragmentos xerados (de diferentes tamaños) sepáranse mediante unha electroforese capilar no secuenciador automático, que detecta as sinais fluorescentes de cada ddNTP que se incorporou ao final de cada fragmento. O software do secuenciador interpreta os picos de fluorescencia para xerar a secuencia do ADN.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.

INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	Análise de Fragmentos no Secuenciador Capilar 3500XL (Applied Biosystems)
TIPO DE ANÁLISE	XENOTIPADO DE MICROSATÉLITES
DESCRICIÓN	É unha técnica que se utiliza para identificar variacións xenéticas en individuos ou poboacións mediante a análise de secuencias curtas de ADN compostas por repeticións en tándem de 2 a 6 nucleótidos (por exemplo: CA, TTA, GATC), que se distribúen por todo o xenoma. Estas repeticións poden variar en número entre individuos, o que permite diferenciarlos xenéticamente, proporcionando información detallada sobre a variabilidade xenética. O xenotipado de microsatélites é un método utilizado para identificar estas variacións específicas no ADN dun individuo, centrado na electroforese dos fragmentos de ADN previamente amplificados por PCR. O proceso comeza coa extracción e cuantificación da cantidade e calidade do ADN da mostra, seguido da amplificación do segmento de interese mediante PCR (reacción en cadea da polimerasa). Despois, realízase a separación dos produtos de PCR segundo o seu tamaño (número de repeticións) mediante electroforese capilar e identificación mediante fluorescencia no secuenciador automático 3500XL Genetic Analyzer. Co Secuenciador Automático 3500XL Genetic Analyzer Biosystems (Thermo Fisher Scientific) pódense utilizar ata 5 marcadores fluorescentes simultaneamente: 6-FAM, VIC, NED, PET e LIZ, sendo este último reservado para o marcador de tamaños moleculares, e combinar diferentes tamaños alélicos na mesma mostra. Deste xeito, nun único capilar e cunha soa electroforesis, pódense analizar múltiples fragmentos.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.

INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	XENOTIPADO
TIPO DE ANÁLISE	XENOTIPADO CON SNPs (Plataforma MassArray)
DESCRICIÓN	Os SNPs (polimorfismos de nucleótido único) son variacións nunha posición única do ADN onde un nucleótido específico (A, T, C, G) pode diferir entre individuos. Poden estar situados en rexións codificantes, non codificantes ou reguladoras do xenoma e permiten a identificación de variantes xenéticas. O MassARRAY é unha tecnoloxía innovadora para o xenotipado de SNPs baseada na espectrometría de masas MALDI-TOF (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization – Time of Flight). Utilízase amplamente para a identificación de variantes xenéticas en estudos clínicos, farmacoxenómicos e poblacionais. Trátase dunha ferramenta intermedia entre o xenotipado a pequena escala e as plataformas de secuenciación masiva, proporcionando unha solución potente para estudos específicos e aplicacións clínicas que requiren xenotipado eficiente e preciso. Na plataforma MassArray, os SNPs detéctanse a través dun proceso coñecido como "extensión de cebadores". Unha das vantaxes principais do xenotipado con SNPs na plataforma MassArray é a súa alta capacidade de multiplexación, o que permite analizar múltiples SNPs nunha soa reacción, o que incrementa a eficiencia e reduce os custos. Ademais, a técnica é coñecida pola súa alta precisión, eficiencia, flexibilidade e reproducibilidade, o que a converte nunha ferramenta ideal para estudos de xenética, investigacións biomédicas e diagnóstico molecular.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	

PUBLICACIONES	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



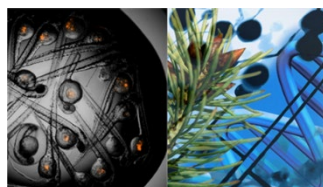
PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	XENOTIPADO
TIPO DE ANÁLISE	XENOTIPADO CON ARRAY (Plataforma Axiom)
DESCRICIÓN	O Axiom Multi-Species SNP Array é unha plataforma de análise xenética baseada en SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms, ou Polimorfismos de Nucleótido Único), que son variacións xenéticas nun só nucleótido (a unidade básica da secuencia de ADN). Un SNP pode ter unha gran influencia nas características dun organismo, incluíndo a súa resistencia a enfermidades, adaptacións ambientais e produtividade. O Axiom Array é unha ferramenta de xenotipificación masiva que permite estudar miles de SNPs no xenoma de diferentes especies, neste caso, adaptada para estudar varias especies de peixes, moluscos e crustáceos (arrays de deseño propio) ou outras especies animais e vexetais (catálogos comerciais). As mostras de ADN dos organismos son analizadas para detectar variacións específicas nos SNPs, o que permite obter un perfil xenético detallado de cada individuo. As aplicacións deste xenotipado son: Identificación da variabilidade xenética: O array permite examinar o perfil xenético de múltiples especies. Isto é útil para comprender a variabilidade xenética entre individuos dentro dunha poboación ou entre diferentes poboacións de peixes, moluscos ou crustáceos, ou outras especies de interese incluídas en catálogo, o cal ten implicacións para a selección xenética. Mellora xenética: Identificar SNPs asociados a características desexables como resistencia a enfermidades, crecemento rápido ou adaptabilidade a condicións ambientais extremas. Isto pode axudar a mellorar programas de cría e produción. Conservación de especies: Nos estudos de conservación, o análise de SNPs pode ser útil para comprender a diversidade xenética de distintas especies e xestionar programas de preservación xenética. Axiom custom (deseño propio) Multi-Species SNP Array en peixes, moluscos e crustáceos: Este tipo de array foi especialmente deseñado para investigacións que requiran de miles de datos xenéticos (xenotipos) de especies diferentes, como no caso de moluscos (por exemplo, mexillóns, ostras, ameixas) e peixes (rodaballo, troita arcoiris).

RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	SECUENCIACIÓN MASIVA (NGS)
TIPO DE ANÁLISE	SECUENCIACIÓN DO XENOMA Whole Genome Sequencing (WGS)
DESCRICIÓN	A secuenciación do xenoma completo (whole genome sequencing, WGS) é unha técnica avanzada que permite determinar a secuencia completa do ADN dun organismo. En vez de centrarse só en partes específicas do xenoma, como ocorre noutras técnicas de secuenciación dirixida, o WGS analiza todo o xenoma, o que inclúe tanto as rexións codificantes de proteínas (exóns) como as non codificantes (intróns, secuencias reguladoras, repetidas, etc.). Este proceso permite identificar variantes xenéticas, como mutacións, polimorfismos de nucleótido único (SNPs), insercións ou deleccións (indels), variantes estruturais e outras alteracións xenéticas no ADN. Grazas á súa capacidade para secuenciar todo o material xenético dun individuo, o WGS proporciona unha visión completa e detallada da información xenética, o que resulta útil para estudos de identificación de variantes xenéticas e estruturais asociadas a caracteres de interese, estudos evolutivos e de diversidade xenética, análises funcionais... O proceso do WGS inclúe varios pasos chave: Extracción de ADN: obtense ADN de alta calidade das células da mostra, como células, tecidos ou outros tipos de mostras. Envío á plataforma de secuenciación: as librerías secuencianse utilizando plataformas de secuenciación masiva (Illumina, PacBio, Oxford Nanopore...), secuenciación de nova xeración (NGS), que xenera a secuencia de millóns de fragmentos simultaneamente. Análise de datos mediante ferramentas bioinformáticas avanzadas e interpretación dos resultados.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.

INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	SECUENCIACIÓN MASIVA (NGS)
TIPO DE ANÁLISE	SECUENCIACIÓN DE LIBRERÍAS DE ADN: RADseq
DESCRICIÓN	A secuenciación de librarías de ADN RADseq (Restricting site-associated DNA sequencing) é unha técnica de secuenciación que se utiliza para estudar as variacións xenómicas (principalmente SNPs) en múltiples individuos de maneira eficiente, sen necesidade de secuenciar todo o xenoma. RADseq permite obter información detallada dunha porción representativa do ADN, centrando a atención nas rexións asociadas a sitios específicos de restrición. O proceso inclúe os seguintes pasos: • Extracción de ADN: obtéñase ADN de alta calidade das células da mostra, como células, tecidos ou outros tipos de mostras. • Dixestión enzimática: o ADN xenómico córtase en secuencias específicas recoñecidas pola enzima de restrición seleccionada (corte infrecuente). • Construción das librarías: aos fragmentos de ADN xerados pola dixestión engádense adaptadores específicos, que son secuencias curtas de ADN que permiten que só se seleccionen e amplifiquen os fragmentos próximos a estes sitios de corte. Os fragmentos de interese enriquecézense mediante amplificación por PCR. • Secuenciación: as librarías secuencianse utilizando plataformas de secuenciación masiva Illumina, secuenciación de nova xeración (NGS), que xera a secuencia de millóns de fragmentos simultaneamente. • Análise de datos mediante ferramentas bioinformáticas avanzadas e interpretación dos resultados para identificar variacións xenéticas (SNPs). Aplicacións de RADseq: • Estudos de diversidade xenética e estrutura de poboacións: RADseq é especialmente útil para estudar a variabilidade xenética e a estruturación nas poboacións naturais, incluso en especies non modelo e sen xenoma de referencia, debido á súa capacidade para xerar información sobre unha gran cantidade de loci (sitios específicos no xenoma). • Estudos de evolución e ecoloxía: Esta técnica permite analizar

	como as poboacións de diferentes especies se relacionan xeneticamente, como evolucionan ao longo do tempo, o fluxo xénico e como os cambios xenéticos poden estar relacionados con adaptacións ecolóxicas. - Investigacións sobre enfermidades xenéticas: RADseq tamén pode ser útil para identificar variantes xenéticas asociadas con enfermidades en humanos e animais, xa que permite obter unha gran cantidade de datos de variación xenética a un custo máis baixo que o secuenciamento do xenoma completo. Ventaxes de RADseq: - Eficiencia e custo: Ao centrarse só nunha parte representativa do xenoma, RADseq é máis económico e menos esixente en termos de recursos computacionais que outras técnicas como o secuenciamento do xenoma completo (WGS). - Alta resolución: Ofrece unha resolución suficientemente alta para moitos estudos xenéticos, permitindo a identificación de milleiros de variantes xenéticas nun só experimento. - Versatilidade: Pode aplicarse a especies que non teñen un xenoma de referencia completo, o que a fai útil en investigacións sobre especies menos estudadas. En resumo, RADseq é unha técnica eficiente e potente para estudar a variabilidade xenética en moitas especies diferentes, sen necesidade de secuenciar o xenoma completo. Permite identificar e analizar un gran número de variantes xenéticas asociadas a sitios de restrición, o que resulta valioso en investigacións sobre xenética, evolución, ecoloxía e medicina.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	SECUENCIACIÓN MASIVA (NGS)
TIPO DE ANÁLISE	SECUENCIACIÓN LIBRERÍAS ADN: ATACseq
DESCRICIÓN	A secuenciación de librarías de ADN ATAC-seq (Assay for Transposase-Accessible Chromatin with high-throughput sequencing) é unha técnica utilizada para identificar as rexións da cromatina accesibles no xenoma, proporcionando información sobre a regulación xenética e a estrutura da cromatina. En lugar de centrarse na secuenciación do ADN codificante, ATAC-seq enfócase nas rexións do xenoma accesibles a proteínas, o que reflicte as áreas do ADN activamente implicadas na expresión xénica. O proceso inclúe os seguintes pasos: 1. Extracción de núcleos: homoxenización da mostra e lisado suave das células para manter a estrutura nuclear intacta. 2. Construción das librarías: ○ Transposición: a chave de ATAC-seq é o uso dunha enzima chamada transposasa (Tn5), que corta o ADN nas rexións accesibles da cromatina e introduce directamente secuencias adaptadoras específicas, permitindo a súa amplificación e secuenciación posterior. ○ Amplificación do ADN: os fragmentos xerados amplifícanse por PCR. ○ Selección de tamaños: selecciónanse fragmentos de ADN de entre 180 e 700 pb. 3. Secuenciación: os fragmentos de ADN seleccionados séquese utilizando plataformas de secuenciación masiva Illumina, secuenciación de nova xeración (NGS), que xera a secuencia de millóns de fragmentos simultaneamente. Isto permite obter lecturas das rexións do xenoma accesibles, é dicir, aquelas que están activas en termos de expresión xénica. 4. Análise de datos: realízase mediante ferramentas bioinformáticas avanzadas, que inclúen o alineamento co xenoma de referencia e a interpretación dos resultados, permitindo identificar rexións libres de nucleosomas asociadas con promotores, potenciadores e outros elementos reguladores.

	Aplicacións de ATAC-seq: • Estudos de regulación xenética: ATAC-seq permite identificar as rexións do xenoma accesibles para a maquinaria de transcrición, axudando a mapear enhancers (potenciadores), promotores e outras secuencias reguladoras. • Estudos da estrutura da cromatina: a técnica é útil para comprender como se organiza a cromatina no núcleo e como esa organización inflúe na expresión xenética. • Análise comparada: permite comparar os estados da cromatina entre distintos tipos celulares ou condicións, como diferenciación celular ou enfermidades.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



LATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	SECUENCIACIÓN MASIVA (NGS)
TIPO DE ANÁLISE	SECUENCIACIÓN DE LIBRERÍAS DE ADN: ChIPseq
DESCRICIÓN	A secuenciación de librarías de ADN ChIP-seq (Chromatin Immunoprecipitation Sequencing) é unha técnica utilizada para estudar a interacción entre proteínas específicas e o ADN na cromatina. Esta técnica combina a inmunoprecipitación de cromatina (ChIP) coa secuenciación de nova xeración (NGS), o que permite identificar as rexións específicas do xenoma nas que as proteínas (como factores de transcrición, histonas modificadas ou complexos de remodelación da cromatina) se unen ao ADN. O proceso inclúe os seguintes pasos: 1. Extracción de núcleos: homoxenización da mostra e lisado suave das células para manter a estrutura nuclear intacta. 2. Fixación con formaldehído (crosslinking): os núcleos trátanse con formaldehído para crear enlaces covalentes entre as proteínas e as secuencias de ADN coas que interactúan. 3. Fragmentación da cromatina: a cromatina (ADN asociado a proteínas) frágntase mediante sonicación, obtendo fragmentos de tamaños manexables para a súa análise (100-600 pb). 4. Inmunoprecipitación: utilízase un anticorpo específico que se une á proteína de interese (por exemplo, un factor de transcrición ou unha histona modificada). O anticorpo únese á proteína e, a través dun proceso de inmunoprecipitación, illase o complexo proteína-ADN correspondente de toda a mostra celular. 5. Reversión do crosslinking: os enlaces covalentes rompense para liberar o ADN asociado ás proteínas. 6. Purificación do ADN: o ADN purifícase, eliminando as proteínas e outros contaminantes. 7. Construcción das librarías: a xeración de librarías, nas que aos fragmentos de ADN se lles únense adaptadores específicos, realízase mediante kits comerciais como MicroPlex Library Preparation Kit ou μChIPmentation Kit (Diagenode), dependendo da cantidade de material obtido. Unha vez purificadas e cuantificadas, as librarías indexadas están listas para a secuenciación. 8. Secuenciación: as librarías séquese utilizando plataformas de secuenciación masiva Illumina, secuenciación de nova xeración (NGS), que xeran a secuencia de millóns de fragmentos simultaneamente.

	9. Análise de datos: finalmente, os datos de secuenciación obtidos aliñanse co xenoma de referencia para identificar as rexións específicas de unión das proteínas ao ADN. Isto permite mapear sitios de unión, patróns de modificación de histonas ou localizar rexións reguladoras do xenoma que interactúan con proteínas específicas. Aplicacións de ChIP-seq: • Estudo da regulación xenética: ChIP-seq é crucial para mapear a localización de factores de transcrición, complexos de remodelación da cromatina e outras proteínas reguladoras no ADN. Permite estudar como se regulan os xenes mediante a unión de proteínas a rexións específicas do xenoma. • Estudo das modificacións epixenéticas: ChIP-seq utilízase para investigar modificacións postraduccionais de histonas (como a metilación, acetilación, fosforilación) que están asociadas coa activación ou represión xénica. • Estudos da estrutura da cromatina: esta técnica tamén axuda a comprender como se organiza a cromatina no núcleo e como esa organización influúe na expresión xenética. • Investigación de enfermidades: ChIP-seq emprégase para identificar alteracións nas interaccións proteína-ADN en distintos contextos, onde os factores de transcrición e as modificacións da cromatina a miúdo están alterados.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	SECUENCIACIÓN MASIVA (NGS)
TIPO DE ANÁLISE	SECUENCIACIÓN LIBRERÍAS ADN: metiloma
DESCRICIÓN	A secuenciación de librarías de ADN metiloma é unha técnica avanzada utilizada para estudar as modificacións por metilación presentes no ADN dunha célula ou tecido nun momento específico. Esta metodoloxía permite identificar as rexións metiladas e cuantificar o grao de metilación do xenoma, proporcionando información esencial sobre a regulación epixenética en diversos procesos biolóxicos, como o desenvolvemento, a diferenciación celular, as enfermidades e as respostas a cambios ambientais. A metilación do ADN, principalmente na posición 5 do carbono das citosinas (5mC; 5-metilcitosina) en illas CpG de promotores e primeiros intróns, constitúe unha modificación epixenética crucial que regula a expresión xénica sen alterar a secuencia do ADN. O proceso inclúe os seguintes pasos: 1. Extracción do ADN: obtención de ADN de alta calidade a partir de mostras biolóxicas, como células ou tecidos. 2. Metilación enzimática (EM-Seq; Enzymatic Methyl Sequencing): empregando enzimas especializadas, esta metodoloxía converte as citosinas non metiladas en uracilos, mentres que as citosinas metiladas permanecen intactas. Trala secuenciación e aliñamento dos datos, realízase a análise das rexións metiladas. 3. Construción das librarías: ○ Fragmentación do ADN: Realízase para preservar a información da metilación. ○ Unión de adaptadores específicos ao ADN para permitir a amplificación. 4. Amplificación do ADN: os fragmentos de ADN tratados amplifícanse por PCR, asegurando a recuperación da marca epixenética. 5. Secuenciación: os fragmentos seleccionados séquense utilizando plataformas de secuenciación masiva, xerando datos de alta resolución sobre os patróns de metilación xenómicos. 6. Análise de datos: créase un pipeline bioinformático para a análise das lecturas, incluíndo o alineamento ao xenoma de referencia e a identificación de rexións diferencialmente metiladas, asociadas con procesos reguladores.

	Aplicacións de EM-Seq: • Mapeo de patróns de metilación: identificación das rexións metiladas no xenoma, proporcionando información sobre a regulación epixenética. • Estudos de cambios epixenéticos: análise das modificacións epixenéticas asociadas a distintos factores ambientais e biolóxicos, incluíndo a diferenciación celular e o desenvolvemento. • Investigación en enfermidades: identificación de alteracións nos patróns de metilación vinculadas con enfermidades como o cancro, enfermidades neurodexenerativas e trastornos metabólicos. • Identificación de biomarcadores epixenéticos: descubrimento de marcadores de metilación útiles para diagnóstico, prognóstico e desenvolvemento de terapias personalizadas. • Aplicacións en biotecnoloxía e agronomía: estudo da regulación epixenética en organismos de interese agrícola para mellorar a produtividade e a adaptación ao ambiente. A análise do metiloma estase a converter nunha ferramenta fundamental na investigación biomédica e na bioloxía molecular, permitindo unha comprensión profunda da regulación xénica e da interacción do ambiente coa expresión dos xenes, abrindo novas posibilidades en medicina personalizada e biotecnoloxía.
--	---

RESPONSABLES

Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.

INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO

PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	SECUENCIACIÓN MASIVA (NGS)
TIPO DE ANÁLISE	SECUENCIACIÓN LIBRERÍAS ADN: Metaxenómica
DESCRICIÓN	A secuenciación de marcadores xenéticos é unha técnica avanzada utilizada para estudar as comunidades microbianas presentes en diferentes ambientes sen necesidade de cultivar os microorganismos. A súa principal vantaxe é que permite analizar a biodiversidade microbiana dun ambiente de maneira global e directa, identificando a diversidade taxonómica presente e a abundancia relativa dos distintos taxóns identificados. Dentro desta área, dúas das secuenciacións máis comúns son a secuenciación do 16S rRNA para bacterias e a secuenciación dos ITS (Internal Transcribed Spacer) para fungos. Cada unha destas secuenciacións permite centrarse en diferentes grupos microbianos, e xuntas proporcionan unha visión detallada das comunidades microbianas dun ambiente. Secuenciación 16S rRNA (bacterias): O 16S rRNA é unha rexión do ADN que se atopa en todas as bacterias e que forma parte da subunidade ribosómica 30S. Dado que esta rexión é conservada entre as diferentes especies bacterianas, pero tamén presenta áreas variables que permiten distinguir entre xéneros e especies, a secuenciación do 16S rRNA é unha das metodoloxías máis utilizadas para identificar e clasificar bacterias en mostras ambientais, sen necesidade de cultivalas. ¿Cómo funciona? A secuenciación do 16S rDNA amplifica as rexións hipervariables desta secuencia do ADN, que despois se secuencian e se comparan cos bancos de datos de secuencias coñecidas. Esta técnica tamén pode empregarse para estudar as interaccións bacterianas, a súa función no ecosistema ou mesmo para detectar bacterias patóxenas en ambientes agrícolas, acuáticos ou no tracto intestinal de animais. Secuenciación ITS (fungos): O ITS (Internal Transcribed Spacer) é unha rexión do ADN que se atopa entre os xenes que codifican os ARN ribosómicos 18S e 28S, e que tamén é moi

	variable entre os diferentes grupos de fungos. A secuenciación ITS permite identificar as especies de fungos presentes nunha mostra ambiental e obter información sobre a súa diversidade e abundancia. ¿Cómo funciona? Amplifícanse as rexións variables do espazo interno transcrito (ITS), que se secuencian e se comparan con bases de datos de referencia. Esta técnica é especialmente útil para a identificación de especies de fungos, tanto cultivables como non cultivables, que forman parte da microbiota do solo ou das plantas, ou para detectar fungos patóxenos en cultivos ou na acuicultura. Tamén se usa para estudar as relacións ecolóxicas entre fungos e outras especies, como as plantas ou as bacterias, e como contribúen á saúde do ecosistema. Beneficios: • Detección sen cultivo: Permite identificar microbios que non poden ser cultivados facilmente en laboratorio. • Gran capacidade de resolución: A secuenciación 16S e ITS permiten facer unha asignación taxonómica a un nivel moi detallado. • Análise ecolóxica: Permite estudar como os microorganismos interactúan entre si e co seu ambiente. • Seguimento e control: Útil para controlar a presenza de patóxenos e monitorizar a calidade ambiental ou sanitaria de diferentes ecosistemas.
--	---

RESPONSABLES

Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Juan Rubiolo Gaytan	Doctor especialista https://www.zebrabiores.com/juan-rubiolo
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.

INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO

PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	SECUENCIACIÓN MASIVA (NGS)
TIPO DE ANÁLISE	SECUENCIACIÓN TRANSCRIPTOMA: RNA-SEQ
DESCRICIÓN	A secuenciación RNA-seq (secuenciación de ARN, ARN-seq) é unha técnica de secuenciación de alto rendemento empregada para analizar o transcriptoma dunha célula, tecido ou organismo nun momento dado. Permite cuantificar, perfilar e caracterizar todas as moléculas de ARN presentes, incluíndo o ARN mensaxeiro (ARNm) e o ARN non codificante (ARNnc). É unha técnica de alta sensibilidade e precisión, capaz de detectar transcritos de baixa abundancia, ofrecendo unha visión máis completa do transcriptoma en comparación con tecnoloxías anteriores, como os microarrays. O proceso inclúe os seguintes pasos: 1. Extracción e cuantificación de ARN da mostra biolóxica. 2. Enriquecemento ou eliminación de ARN ribosómico (segundo o tipo de ARN de interese). 3. Conversión a ADN complementario (ADNc) mediante retrotranscrición. 4. Preparación da biblioteca: fragmentación do ADNc, adición de adaptadores e amplificación por PCR. 5. Secuenciación das bibliotecas utilizando plataformas de secuenciación masiva Illumina, secuenciación de nova xeración (NGS), que xeran a secuenciación de millóns de fragmentos simultaneamente. 6. Análise de datos mediante ferramentas bioinformáticas avanzadas que inclúen calidade e filtrado de datos, alineamento e ensamblaxe ao xenoma de referencia, cuantificación de expresión, análise de expresión diferencial, análise funcional e enriquecemento, así como detección de variantes. Aplicacións de RNA-seq: • Cuantificación da expresión xénica: Permite medir os niveis de expresión de xenes en diferentes condicións biolóxicas.

	• Identificación de novos transcritos: Detecta variantes de empalme alternativo (splicing alternativo), ARN de fusión e ARNs non codificantes. • Análise de isoformas e edición de ARN: Identifica variacións na transcrición dun mesmo xen. • Perfilado de expresión diferencial: Compara a expresión xénica entre condicións (por exemplo, sano vs. enfermo).
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	SECUENCIACIÓN MASIVA (NGS)
TIPO DE ANÁLISE	SECUENCIACIÓN TRANSCRIPTOMA: single cell/nuclei RNA-SEQ
DESCRICIÓN	A secuenciación de célula/núcleo única (scRNA-Seq) é unha técnica avanzada que permite analizar a expresión xénica a nivel individual en miles de células simultaneamente. Isto proporciona unha visión detallada da heteroxeneidade celular en tecidos complexos, do desenvolvemento celular e das respostas a enfermidades. O proceso inclúe os seguintes pasos: 1. Aillamento de células/núcleos individuais. 2. Fixación e permeabilización das células/núcleos mediante kits comerciais de Parse Biosciences. 3. Preparación das bibliotecas mediante kits comerciais de Parse Biosciences. 4. Secuenciación das bibliotecas utilizando plataformas de secuenciación masiva Illumina, secuenciación de nova xeración (NGS), que xeran a secuenciación de millóns de fragmentos simultaneamente. 5. Análise de datos mediante ferramentas bioinformáticas avanzadas implementadas na pipeline Trailmaker de Parse Biosciences ou outras pipelines desenvolvidas para esta tecnoloxía. Aplicacións de single cell/nuclei RNA-seq: • Caracterización de tipos e estados celulares: Identificación de novos tipos celulares e subpoboacións en tecidos, creación de atlas celulares, análise da plasticidade celular e dos estados de activación en diferentes condicións. Ten aplicacións revolucionarias en moitas enfermidades, como o cancro, as enfermidades neurodexenerativas, cardiovasculares, metabólicas, infecciosas... así como en desenvolvemento e diferenciación celular, no estudo de tecidos e órganos complexos (como o cerebro) e na medicina personalizada.

RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	OUTRAS TÉCNICAS
TIPO DE ANÁLISE	DETERMINACIÓN XENÉTICA DO SEXO
DESCRICIÓN	A determinación xenética do sexo en vertebrados é un proceso científico que permite identificar o sexo biolóxico dun individuo baseándose no seu ADN. Este análise realízase a través da detección de variantes xenéticas asociadas co sexo presentes nas células do organismo, unha ferramenta clave para estudos de biodiversidade, conservación e mellora xenética. Nos mamíferos e aves, o sexo está determinado por un par específico de cromosomas sexuais, que seguen un modelo XX/XY e ZZ/ZW, respectivamente, pero nos vertebrados de sangue fría, poiquilotermos, os sistemas de determinación sexual son moito máis diversos. A determinación xenética do sexo proporciona unha maneira precisa de identificar o sexo biolóxico, incluso en especies onde o dimorfismo sexual non é facilmente observable. Como funciona a determinación xenética do sexo? O análise da determinación xenética do sexo realízase mediante a extracción de ADN dunha mostra biolóxica (como sangue, tecido, plumas, escamas ou saliva, dependendo da especie). Identifícase o xenotipo asociado co sexo a través de técnicas avanzadas de PCR (reacción en cadea da polimerasa) e secuenciación de ADN, que permiten establecer a correspondencia entre o xenotipo e o sexo biolóxico do individuo. Aplicacións do servizo: Investigación en Bioloxía e Ecoloxía: Utilízase para estudos de reprodución, ecoloxía de poboacións e comportamentos sexuais de diversas especies de vertebrados. Conservación de especies: En programas de conservación, especialmente en especies en perigo de extinción, para monitorizar a estrutura xenética das poboacións e a proporción de sexos. Zooloxía e Ciencia Animal: Fundamental para estudos sobre a evolución dos sistemas de determinación sexual en diferentes grupos de vertebrados, como réptiles, aves, mamíferos e peixes.

	Aplicacións en Acuicultura e Gandería: Importante no control de sexos en especies de interese comercial, como peixes e gando, para mellorar a produción ou realizar programas de reprodución controlada.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	OUTRAS TÉCNICAS
TIPO DE ANÁLISE	ANÁLISE DE DETECCIÓN DE TRIPLOIDÍA CON MICROSATÉLITES
DESCRICIÓN	A triploidía é unha condición xenética na que un individuo posúe tres conxuntos completos de cromosomas, en lugar dos dous habituais nas especies diploides. Esta anomalía cromosómica pode ocorrer de forma natural ou ser inducida por choques de presión ou temperatura. É un fenómeno común en algúns grupos de peixes, moluscos e outras especies animais ou vexetais. A análise para a detección de triploidía utilizando microsatélites ofrece unha ferramenta precisa e fiable para identificar esta condición e comprender mellor as súas implicacións na bioloxía e na reprodución de diversas especies. Que son os microsatélites? Os microsatélites son secuencias de ADN curtas que se repiten e que se atopan en diversas rexións do xenoma. Estas repeticións varían no número de unidades repetidas entre individuos, o que as converte en marcadores xenéticos útiles para estudar a variabilidade xenética. Na detección de triploidía, os microsatélites empregáronse para analizar o número de alelos dun locus particular presentes nunha mostra de ADN, permitindo a identificación precisa dos individuos triploides nunha poboación. Como funciona a análise para a detección de triploidía con microsatélites? A análise para a detección de triploidía baséase na comparación dos perfís xenéticos obtidos a través dos microsatélites nas mostras biolóxicas (como sangue, escamas, tecidos ou células). Nun individuo diploide normal, cada microsatélite amosa dous alelos (un herdado de cada proxenitor). Con todo, nos individuos triploides, o perfil xenético amosará tres alelos en lugar de dous, o que indica a presenza dun conxunto adicional de cromosomas. Esta análise realízase mediante técnicas avanzadas de PCR (reacción en cadea da polimerasa) e electroforesis, que permiten separar e visualizar as diferentes secuencias de microsatélites, detectando de maneira fiable a presenza de triploidía.

	Aplicacións do servizo: • Investigación en xenética e reprodución: Empregada en estudos sobre a reprodución de especies acuáticas e terrestres, especialmente na acuicultura, onde a triploidía se induce para evitar a maduración gonadal e mellorar o crecemento dos organismos. • Conservación de especies: Usada en programas de conservación e manexo de poboacións para monitorizar a triploidía en especies en perigo de extinción ou en programas de cría controlada. • Acuicultura e agricultura: No cultivo de especies como peixes, mariscos e moluscos, onde a triploidía se emprega para evitar a maduración gonadal e favorecer o crecemento, ao tempo que se evitan os efectos negativos nas poboacións salvaxes debido ás fuxidas das granxas ao medio natural. • Estudos xenéticos avanzados: Permite analizar e comprender mellor as consecuencias evolutivas e xenéticas da triploidía, así como o seu rol na diversidade xenética das poboacións.
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	OUTRAS TÉCNICAS
TIPO DE ANÁLISE	PCR CUANTITATIVA EN TEMPO REAL_qPCR
DESCRICIÓN	A RT-qPCR é unha modificación da técnica de PCR convencional, cunha alta sensibilidade e especificidade, que combina a amplificación e a detección nun único paso, permitindo cuantificar a cantidade inicial dun fragmento diana presente na mostra orixinal, xa sexa ADN ou ARN (cDNA). Mediante a inclusión de fluorocromos pódese monitorizar o progreso en tempo real da reacción de amplificación, medindo a fluorescencia liberada cada vez que se realiza unha copia do ADN molde, posto que o incremento da intensidade desta é proporcional á cantidade de ADN xerado. Os instrumentos de RT-qPCR miden a acumulación da sinal fluorescente durante a fase exponencial da reacción para a cuantificación rápida e precisa dos produtos de PCR nun amplo rango dinámico e a análise dos datos. Aplicacións: • Estudos de expresión xenética • Detección de SNPs. • Detección de microorganismos e patóxenos • Determinación da carga viral • Diagnóstico molecular • Discriminación alélica e xenotipado • ...
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305
Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.

INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos



PLATAFORMA	SERVIZOS XENÉTICOS E XENÓMICOS
NOME DO SERVIZO	OUTRAS TÉCNICAS
TIPO DE ANÁLISE	Síntesis de cDNA
DESCRICIÓN	A síntese de cDNA (cDNA = ADN complementario) é un proceso fundamental en estudos de expresión xenética, diagnóstico molecular e biotecnoloxía. Basease na conversión de ARN en ADN mediante a transcriptasa reversa (RT, Reverse Transcriptase), enzima que permite copiar o ARN nunha molécula de ADN de cadea simple, que é máis estable que o ARN, podendo ser estudada. O proceso inclúe os seguintes pasos: Extracción do ARN: O primeiro paso é illar o ARN total de células, tecidos ou mostras biolóxicas. Neste paso lémbrese a eliminación do ADN xenómico mediante tratamento con DNasa. Avaliación da cantidade, calidade e integridade do ARN: mediante espectrofotometría (Nanodrop, absorbancia a 260/280 nm) e electroforesis microfluídica (Bioanализador). Reacción de retrotranscrición: Este proceso converte o ARN en cDNA mediante a transcriptasa reversa. A retrotranscriptasa usa o mRNA como molde para sintetizar unha cadea de ADN complementario (cDNA). Síntese da cadea complementaria: Nunhas aplicacións pódese realizar unha segunda fase de síntese de cDNA onde se sintetiza a cadea complementaria do primeiro cDNA, creando unha dobre cadea de ADN (cDNA de dobre hebra). Aplicacións: • PCR e RT-qPCR • Secuenciación de ARN (RNA-seq) • Clonación
RESPONSABLES	
Paulino Martínez Portela	Coordinador grupo de investigación Acuigen https://orcid.org/0000-0001-8438-9305

Belén Gómez Pardo	Responsable da Plataforma https://orcid.org/0000-0003-3548-6306
Lucía Díaz Insua	Técnico Superior de Investigación especialista en bioloxía molecular.
INFORMACIÓN DAS CAPACIDADES DO SERVIZO	
PUBLICACIÓNS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/publicaciones
PROXECTOS	https://investigacion.usc.gal/grupos/4537/proyectos