

CARACTERIZACIÓN DE COMUNIDADES BIOLÓGICAS MEDIANTE SECUENCIACIÓN MASIVA “METABARCODING”

Las técnicas de *metabarcoding* mediante herramientas de secuenciación masiva (NGS) permiten analizar el ADN presente en una muestra compleja con el objetivo de identificar la totalidad de especies presentes. De esta forma es posible analizar toda la comunidad, identificando especies que de otra forma pasarían desapercibidas o que su aislamiento o cultivo en placa no es posible.



Tras obtener las secuencias de los organismos de interés, estas son procesadas mediante herramientas bioinformáticas y asignadas a Unidades Taxonómicas Operativas (OTUs). De esta forma, el cliente recibe un informe detallado con el número de secuencias de cada taxón y las abundancias relativas de los mismos.

A continuación, se muestran las aplicaciones destacadas sobre *metabarcoding* en LTL:

- **Caracterización de la comunidad de microorganismos** en muestras ambientales (agua o sedimento) y muestras del sector agroalimentario
 - Caracterización de la comunidad bacteriana en muestras ambientales mediante estudio del gen 16S
 - Estudio del microbioma bacteriano en productos del sector agroalimentario mediante estudio del gen 16S
- **Caracterización de comunidades empleadas como indicadores de calidad** en ríos, embalses y lagos
 - Caracterización de macroinvertebrados bentónicos mediante estudio del gen COI y cálculo de índices de calidad
 - Caracterización de diatomeas bentónicas mediante estudio del gen rbcl y cálculo de índices de calidad
- **Identificación de fraudes alimentarios.**
 - Caracterización de las especies presentes en alimentos complejos (carnes, pescados, plantas y semillas)
 - Caracterización de la composición en especies en productos del sector agroalimentario