

Adquisición y puesta a punto de un nuevo analizador genético para la secuenciación de ADN (Sanger), y para la separación y análisis de fragmentos de ADN.

La Sección de Biología Molecular integrada en el Área Científica y Técnica de Investigación (ACTI) ha adquirido recientemente un nuevo analizador genético, que ha quedado instalado y completamente operativo en el laboratorio B1.0.018 - edificio CAID (Campus de Espinardo). La adquisición se ha realizado con fondos propios de la Universidad de Murcia, por indicación del Vicerrectorado de Investigación y Transferencia, con el objetivo de renovar la instrumentación en el campo de la secuenciación (tipo Sanger) y del análisis de fragmentos de ADN.

Se trata del **3500 Genetic Analyzer** de Applied Biosystems:

<https://www.thermofisher.com/order/catalog/product/4405673>

El equipo consta de un sistema automático de electroforesis multicapilar (8 capilares), que permite la detección simultánea de hasta 6 fluorocromos diferentes (previamente empleados para marcar el ADN), y totalmente automático desde la carga de la muestra hasta su análisis. Dispone de un software para el análisis primario con funciones para asignación de nucleótidos (*Basecalling*) y determinación del tamaño de fragmentos de ADN (*Fragment sizing*), que además realiza una evaluación de la calidad de los datos en tiempo real.

La presencia de 8 capilares integrados en un *array* hace posible duplicar o, en su caso, multiplicar por ocho la productividad del análisis en relación con los equipos previamente instalados en la sección: un 3130 y dos 310, Applied Biosystems, de 4 y 1 capilares, respectivamente. En el caso de la secuenciación de ADN, la longitud óptima de lectura alcanza los 850 nucleótidos por análisis, para los capilares de 50 cm de longitud con los que se va a trabajar de manera habitual, según las especificaciones y valores de calidad del fabricante.

Asimismo, se han adquirido softwares de análisis secundario que abarcan tanto **el estudio de fragmentos de ADN y sus principales aplicaciones** [genotipado basado en el estudio de microsatélites (microsatellite genotyping) o en la identificación de mutaciones puntuales (single nucleotide polymorphisms, SNPs, genotyping), análisis del polimorfismo de fragmentos amplificados de restricción (AFLP), etc.], como **la secuenciación Sanger** y las suyas (análisis de los datos de la secuenciación, detección y análisis de mutaciones -incluidas las variantes somáticas-, descubrimiento y validación de SNPs, resecuenciación, secuenciación *de novo* y comparativa,..).

Entre los programas que facilitan el análisis secundario para determinadas aplicaciones de secuenciación destacamos:

- Applied Biosystems *SeqScape* Software.
- Applied Biosystems *Variant Reporter* Software.
- Applied Biosystems *Minor Variant Finder* Software.

Además, esta nueva instrumentación viene a reforzar los procedimientos de autenticación de líneas celulares humanas (basados en el análisis de polimorfismos genéticos conocidos como *Short Tandem Repeats*, STRs, o microsatélites) y de identificación molecular de especies en cultivos celulares (*DNA barcodes*), que la Sección de Biología Molecular ha implantado en los últimos tiempos con la colaboración del Servicio de Cultivo de Tejidos y la Sección de Apoyo Estadístico del ACTI y la empresa Bioidentity, S.L. Al igual que el procedimiento general de identificación humana conocido como huella genética, huella de ADN o perfil de ADN.

Para más información o para cualquier consulta, pueden dirigirse a César Flores (cesar@um.es; telf. 86888 8187).