



Contactanos

uga.lib@ciq.uchile.cl

Olivos 1007, Independencia
Región Metropolitana
Chile

Unidad de Genómica Avanzada (UGA)

Descubre nuestros **avanzados servicios de
secuenciación** y análisis genómicos



NUESTROS SERVICIOS

Control de Calidad de ADN y ARN

- **Evaluación de calidad de RNA:** Determinación del RIN (RNA Integrity Number)
- **Control de calidad de DNA:** Análisis de fragmentos de DNA, incluyendo gDNA y productos de PCR
- **Validación de bibliotecas de secuenciación:** Evaluación de tamaño y distribución de fragmentos antes de la secuenciación en plataformas como Illumina o Oxford Nanopore



Secuenciación de Célula Única (Single Cell Genomics)



- **Secuenciación de ARN unicelular (scRNA-seq)** de hasta 20.000 células por muestra para el estudio de la heterogeneidad celular en tejido, organoides, cultivos celulares, etc.

Secuenciación de lecturas largas (Long read sequencing)

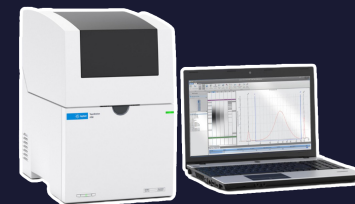
- **Secuenciación indirecta de RNA (cDNA-PCR sequencing)** con posibilidad de multiplexing de muestras
- **Secuenciación directa de RNA (direct RNA sequencing)**, incluyendo modificaciones del RNA (e.g. m6A, m5C, etc.,)
- **Secuenciación de DNA genómico**
- **Metagenómica (16S y shotgun)**



NUESTRAS TECNOLOGÍAS

Agilent TapeStation 4150

- Evaluación de calidad de RNA total, mRNA, gDNA, productos de PCR, bibliotecas de secuenciación
- Hasta 16 muestras en paralelo
- Solamente 1-2 uL por muestra
- Análisis rápido en 1-2 minutos por muestras
- Elevada precisión y reproducibilidad



10x Genomics - Chromium X



- Secuenciación de RNA de célula individual, perfil inmunológico (TCR y BCR-seq), CITE-seq y multiomics
- Hasta 8 muestras en paralelo
- Análisis de hasta 20.000 células por muestra
- Compatible con células y núcleos
- Posibilidad de multiplexing de muestras

Oxford Nanopore Technologies - PromethION P2 Solo y MinION Mk1C

- Secuenciación de lecturas largas y ultra largas (hasta cientos de kilobases)
- No requiere amplificación de ADN
- Análisis de modificaciones epigenéticas y epitranscriptómicas
- Base calling en tiempo real
- Aplicaciones en metagenómica, ensamblaje de genomas completos, detección de mutaciones y variantes estructurales

