

Preguntas

1. ¿Cuáles son los dos métodos principales para preparar librerías seleccionando regiones genómicas de interés? Enumera dos diferencias.
2. ¿Cómo es posible secuenciar varias muestras simultáneamente?
3. Relaciona cada empresa con su equipo y el tipo de secuenciación:
 - i. Empresas: Illumina, ThermoFisher, OxfordNanopore, PacBio
 - ii. Equipos: IonTorrent, Minion, Sequel II System, MiSeq
 - iii. Tecnología: *sequencing by synthesis*, *single molecule*

Respuestas

1. Los dos métodos principales son la preparación mediante amplicones y mediante captura por sondas de hibridación

Ejemplos de diferencias:

- Las librerías de amplicones se usan en el caso de un pequeño número de regiones de interés, la captura se utiliza en el caso de un mayor número de regiones.
- En la preparación mediante amplicones los adaptadores se unen por PCR, mientras que en la captura se unen por ligación.
- En el caso de los amplicones sólo se prepara librería de la región de interés. En el caso de la captura se prepara la librería de todo el genoma y luego se selecciona la región de interés.

2. Gracias a que en los adaptadores existe una región de 6-8nucleótidos llamada índice o *barcode*, que será distinta para cada muestra. Su secuenciación nos permite identificar el origen de la secuencia que acompaña a cada índice.

3. Relaciona cada empresa con su equipo y el tipo de secuenciación

Illumina	MiSeq	<i>sequencing by synthesis</i>
ThermoFisher	Ion Torrent	<i>sequencing by synthesis</i>
Oxford Nanopore	Minion	<i>single molecule</i>
PacBio	Sequel II System	<i>single molecule</i>